

# Autocorrelación espacial y el diseño y análisis de experimentos

RAFAEL ZAS

Centro de Investigaciones Ambientales de Lourizán,  
Apdo. 127, Pontevedra 36080 España, E-mail: [rzas.cifal@siam-cma.org](mailto:rzas.cifal@siam-cma.org)

## RESUMEN

El análisis de experimentos mediante técnicas de estadística convencional parte de ciertos supuestos que los datos han de cumplir. Entre ellos, la independencia de las observaciones es un requisito fundamental, necesario para predecir las distribuciones de los estadísticos de inferencia y concluir sobre la significación de los factores estudiados. Aunque tradicionalmente se le ha prestado poca atención y raramente se comprueba su cumplimiento, la falta de independencia puede tener consecuencias dramáticas sobre los resultados del análisis. En el presente capítulo se describe cómo la autocorrelación espacial de la variable dependiente supone la violación de este requisito y llega a invalidar las técnicas de análisis convencional. Siendo los ecosistemas heterogéneos por naturaleza, las variables analizadas en los experimentos de ecología sufren con mucha frecuencia este fenómeno, que en ningún caso debe obviarse.

La herramienta básica para lidiar con la heterogeneidad espacial es el uso de diseños experimentales apropiados, que mediante la aleatorización, replicación y la subdivisión del área experimental en bloques espacialmente más homogéneos, consiguen controlar parte de la variación espacial y evitan los sesgos derivados de la superposición de ésta y los efectos del modelo. Sin embargo, ante patrones espaciales intensos y a pequeña escala, los diseños experimentales son con frecuencia incapaces de acomodar toda la variación espacial, resultando en bloques internamente heterogéneos y mayor varianza residual. En estas situaciones, la potencia del análisis disminuye bruscamente y la probabilidad de llegar a conclusiones erróneas aumenta substancialmente.

Cuando el diseño experimental no es capaz de acomodar la heterogeneidad ambiental de forma eficiente, es preciso recurrir a métodos de análisis que ajusten los datos según su autocorrelación espacial, o que incorporen la modelización de la estructura espacial residual en los propios modelos estadísticos. En el presente capítulo se revisan distintos métodos disponibles para solventar el problema del análisis de datos espacialmente autocorrelacionados. Estos métodos se ejemplifican y comparan en un caso práctico con datos reales procedentes de un ensayo genético de *Pinus pinaster*, donde el elevado número de niveles y el gran tamaño de las unidades experimentales redundan en bloques excesivamente grandes e intensamente heterogéneos.

## 14.1. INTRODUCCIÓN

En estadística convencional, la mayoría de los métodos de inferencia están diseñados para el análisis de variables que cumplen ciertas propiedades o requisitos. Bajo estos supuestos, se puede predecir la distribución de los estadísticos utilizados para el contraste de hipótesis y, por tanto, concluir sobre la significación de los factores analizados. Los tres requisitos básicos de los métodos de estadística paramétrica clásica (p. ej., análisis de la varianza [ANOVA], regresión y correlación) son: i) *normalidad*, los residuos del modelo deben seguir una distribución normal, ii) *homocedasticidad*, la varianza de los residuos debe ser constante y no variar entre los distintos niveles del factor analizado, y iii) *independencia*, las observaciones deben ser independientes entre sí.

Durante mucho tiempo los ecólogos han considerado que en el medio natural estos supuestos se cumplen con relativa facilidad (Legendre 1993). Sin embargo, los avances de los últimos años para detectar, modelizar y entender la estructura espacial de los ecosistemas revelan que todos los procesos ecológicos siguen estructuras espaciales marcadas a distintas escalas espaciales (véanse los Capítulos 1 y 2 para ejemplos y discusiones). Esta estructura espacial puede revelarse en la variable/s analizada/s en los experimentos en campo, provocando una autocorrelación espacial en ésta/s. Cuando una variable está espacialmente autocorrelacionada, los datos son más similares entre posiciones cercanas que entre posiciones alejadas o, en otras palabras, los datos no son independientes entre sí, ya que conocido el valor en una posición se puede predecir, en cierta medida, el valor en las posiciones vecinas. La autocorrelación espacial supone, por

tanto, la violación de uno de los requisitos fundamentales de los métodos de estadística clásica, la independencia de las observaciones. Como veremos en este capítulo, la violación de este requisito puede tener consecuencias dramáticas en las conclusiones de los análisis. Así pues, en muchos casos es necesario recurrir a métodos estadísticos más complejos, que incorporan la modelización de la estructura espacial de los datos, para obtener conclusiones válidas sobre el efecto de los tratamientos experimentales bajo condiciones de campo.

Antes de continuar, es importante resaltar que la heterogeneidad espacial es un fenómeno intrínseco a todo proceso ecológico, con un carácter funcional y trascendental dentro de los ecosistemas (véase el Capítulo 1 para una discusión en detalle sobre el tema). Como apunta Legendre (1993), un ecosistema sin estructura espacial, no podría funcionar. Sin embargo, aunque la naturaleza es claramente heterogénea, la escala a la cual esta heterogeneidad se manifiesta varía enormemente. Dependiendo de la escala, una determinada variable puede resultar homogénea o heterogénea (Dutilleul 1993b, ver Capítulo 2). El grado de autocorrelación espacial de las variables analizadas en los experimentos en campo dependerá, por tanto, de la escala de estudio. Si ésta es similar a la escala de la dependencia espacial de la variable analizada, los métodos estadísticos convencionales pueden resultar no válidos. Así pues, la escala de la estructura espacial tiene también, como veremos, implicaciones muy importantes en el diseño de experimentos o muestreos de campo (Dutilleul 1993b, Legendre 1993, Dale y Fortin 2002, Fagroud y Meirvenne 2002, Ferguson y Bester 2002, Legendre *et al.* 2002, Legendre *et al.* 2004, Gallardo y Covelo 2005).

Existen multitud de ejemplos para ilustrar la trascendencia de la autocorrelación de los datos en el diseño y análisis de experimentos. Entre ellos, los experimentos de agronomía o con especies arbóreas, son particularmente susceptibles a estos problemas. Es fácil imaginar como la variación espacial en la fertilidad, profundidad y humedad del suelo, la incidencia en manchas de enfermedades, plagas o herbívoros, o los gradientes de luz y temperatura, pueden provocar una estructura espacial no aleatoria en el desarrollo y comportamiento de las plantas del ensayo (Fig. 14.1). El mayor grado de parentesco de individuos cercanos en poblaciones naturales de cualquier especie vegetal o animal es otro buen ejemplo de autocorrelación espacial que puede condicionar el uso de los métodos estadísticos convencionales.



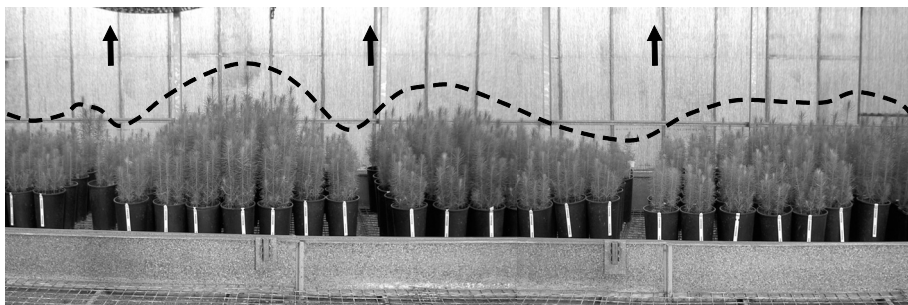
**Figura 14.1.** *Vista de un ensayo genético de Pinus radiata sobre un suelo ácido y pobre en nutrientes, mostrando una importante estructura espacial en el crecimiento*

El carácter heterogéneo del medio natural no es la única fuente de correlación espacial en las variables analizadas en los experimentos de ecología. Otra fuente importante y frecuente de correlación espacial se deriva del propio proceso de evaluación y toma de datos. En un experimento en el campo es frecuente que las unidades experimentales vecinas se evalúen, a su vez, próximas en el tiempo. Si existe algún grado de influencia temporal en la variable dependiente, ésta se verá reflejada en una autocorrelación espacial. Por ejemplo, las evaluaciones de fotosíntesis, respiración o conductancia estomática en plantas, parámetros con una gran variación temporal a lo largo del día y entre días, son susceptibles de este problema. Por otra parte, la evaluación de variables subjetivas (puntuaciones, estimaciones visuales, etc.) también puede originar correlación espacial debido a la inevitable variación temporal de la subjetividad del observador. Así, no es infrecuente que en determinados momentos (y por tanto en determinadas posiciones) el observador tienda a supra- o infravalorar la variable en cuestión.

Todos los ejemplos comentados hasta ahora son casos de autocorrelación espacial positiva, donde los datos son más parecidos cuanto más cercanos. Pero también es posible el caso contrario de autocorrelación negativa, donde los valores en posiciones vecinas tienden a ser más distintos de lo esperado bajo distribuciones aleatorias. La competencia por los recursos es el principal origen de este tipo de autocorrelación, cuyos efectos en el diseño y análisis de experimentos, aunque menos estudiados, pueden ser también muy relevantes (Magnussen 1994).

La heterogeneidad espacial no es un problema único de los experimentos en campo, sino que también puede resultar muy importante y

trascendente en experimentos en condiciones controladas, especialmente en invernaderos y cámaras de cultivo (Potvin y Tardif 1988). A pesar de los notables avances técnicos, las condiciones de estas instalaciones nunca llegan a ser completamente homogéneas y siempre existen gradientes de luz, temperatura y humedad que pueden reflejarse en una autocorrelación espacial de las variables estudiadas (Fig. 14.2).

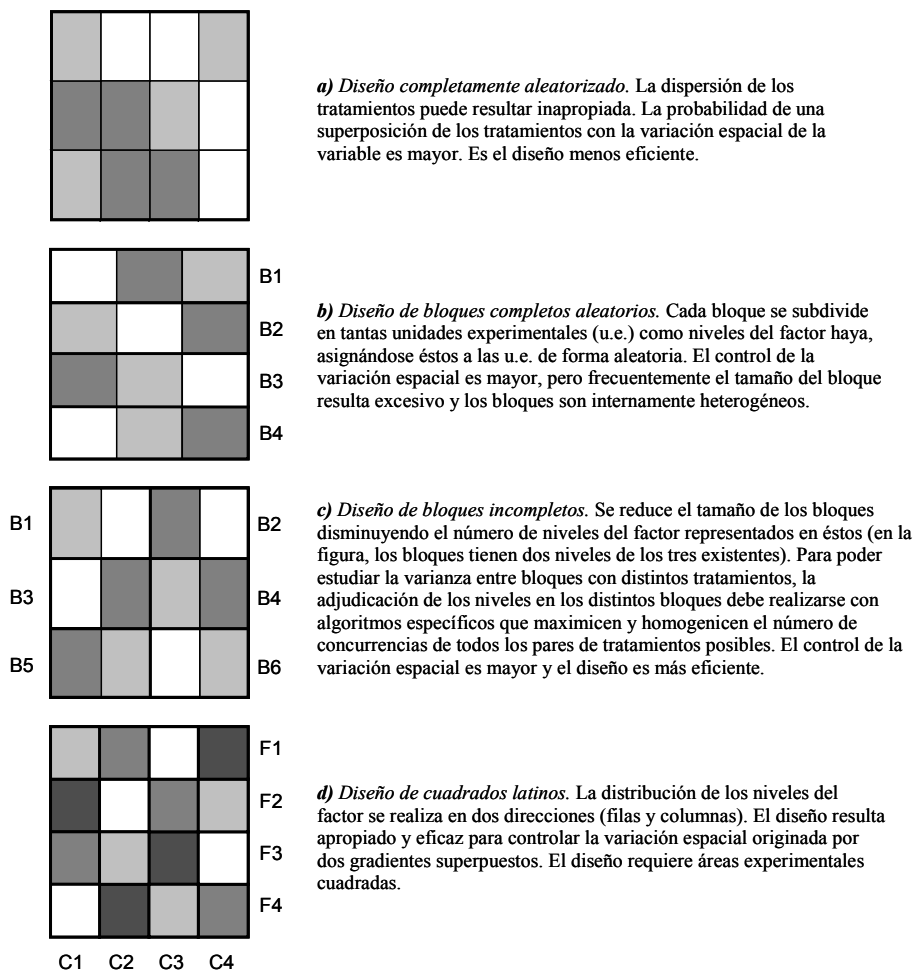


**Figura 14.2.** Ensayo genético de plántulas de *Pinus pinaster* en invernadero mostrando una fuerte correlación espacial en desarrollo fruto de una inadecuada dispersión del agua de riego. Los aspersores del sistema de riego, cuyas posiciones se señalan con las flechas, distribuyen más cantidad de agua hacia los lados que hacia abajo generando una variación sinusoidal en la cantidad de agua aportada, claramente reflejada en el crecimiento en altura (línea punteada).

## 14.2. DISEÑOS EXPERIMENTALES

El problema de la heterogeneidad espacial en el análisis de experimentos no es un tema nuevo, sino que se remonta a principios del siglo XX, cuando Ronald A. Fisher (Fisher 1926), buscando mejorar la eficiencia de experimentos agrícolas en campo, estableció el concepto de bloque y concibió el diseño de bloques completos aleatorios (BCA, Fig. 14.3). La idea es absorber la variación ambiental mediante la subdivisión del área de estudio en zonas *homogéneas*. La variación entre zonas permite absorber al menos parte de la variación ambiental. Este tipo de diseños se han convertido en la herramienta básica del diseño de experimentos bajo condiciones de campo y es utilizado de forma rutinaria en multitud de disciplinas científicas, incluyendo, por supuesto, la ecología. Tras la aparición de los BCA, muchos investigadores, conscientes de sus limitaciones para absorber la variación espacial, establecen una larga carrera para mejorar la eficiencia de los diseños experimentales. Así nacen nuevos diseños experimentales, hoy relati-

vamente frecuentes, como los diseños de bloques incompletos (BI), los diseños latinizados, los diseños “ $\alpha$ -lattice”, etc. Sólo en las últimas décadas, a raíz de las mejoras en la capacidad de cálculo, aparecen nuevos métodos de análisis espacial que, al margen del diseño experimental, modelizan, ajustan y/o incorporan en los modelos la propia estructura espacial de la variable (véase el Capítulo 8 para algunos ejemplos).



**Figura 14.3.** Representación esquemática de los cuatro diseños experimentales más comunes: a) completamente aleatorizado, b) bloques completos al azar, c) bloques incompletos, y d) cuadrados latinos. En todos los casos hay cuatro unidades experimentales por cada nivel del factor (tonos grises), habiendo tres niveles en a), b) y c), y cuatro en d). La distribución de los tratamientos mejora de a) a d), aumentando en este sentido la eficiencia estadística.

El establecimiento de un buen diseño experimental es, por tanto, el primer paso a considerar para afrontar la heterogeneidad ambiental. En multitud de ocasiones, un diseño apropiado resulta suficientemente eficiente (Legendre *et al.* 2004). El diseño de un experimento engloba la definición del número de unidades experimentales, el tamaño muestral de éstas, su distribución espacial y la asignación de los distintos niveles del factor a las unidades experimentales (Mead 1988). El objetivo final es evitar todo sesgo sistemático y reducir la varianza residual (mediante el control de la variación espacial) para favorecer la detección de diferencias entre los niveles del factor (Dutilleul 1993b).

Para ilustrar esto mejor consideremos la tabla ANOVA para un análisis de un factor con  $t$  niveles y  $r$  unidades experimentales por nivel (réplicas), siendo  $n = tr$  el número total de observaciones (Tabla 14.1a). El test de inferencia se realiza mediante el estadístico  $F$  resultante del cociente de los cuadrados medios del factor y los del error. Este estadístico, bajo los supuestos del ANOVA, sigue una distribución  $F$  de Snedecor con  $t-1$  y  $n-t$  grados de libertad. Cuanto mayor es el valor de  $F$ , mayor es la probabilidad de rechazar la hipótesis nula ( $H_0$ : todos los tratamientos son iguales), es decir, mayor probabilidad de considerar significativas las diferencias entre tratamientos. La heterogeneidad espacial genera una variabilidad añadida a la variable dependiente que aumenta la variación residual y, por tanto, disminuye el ratio  $F$  y la probabilidad de detectar diferencias entre tratamientos. Con la estructura en bloques de los diseños experimentales, parte de la variación es absorbida por las diferencias entre bloques, reduciéndose la suma de cuadrados del error, aumentando el ratio  $F$  para el factor, y facilitando, por tanto, la detección de diferencias entre tratamientos (Tabla 14.1b). Cuanto mayor sea la variabilidad entre bloques y menor la variabilidad dentro de los bloques, mayor variación ambiental habrá sido absorbida y mayor será la eficacia del diseño experimental. El tamaño de los bloques en relación a la escala del patrón espacial, y cómo éstos se sitúan sobre aquel son elementos clave para que el diseño sea eficaz (Fig. 14.4).

El principal problema reside en que normalmente no se conoce el patrón espacial *a priori*, es decir, cuando se diseña y establece el experimento. En caso de conocerse (a través de ensayos pilotos, ensayos uniformes, cultivos previos, etc.) el diseño puede optimizarse sin dificultad (Fu *et al.* 1999a, Fagroud y Meirvenne 2002). Pero esta situación no es común y normalmente la elección del diseño dependerá únicamente de la experiencia e intuición del investigador.

**Tabla 14.1.** *Tablas ANOVA para el análisis de un diseño completamente aleatorizado (a) y un diseño de bloques completos aleatorios (b).*

**a) Diseño completamente aleatorizado**

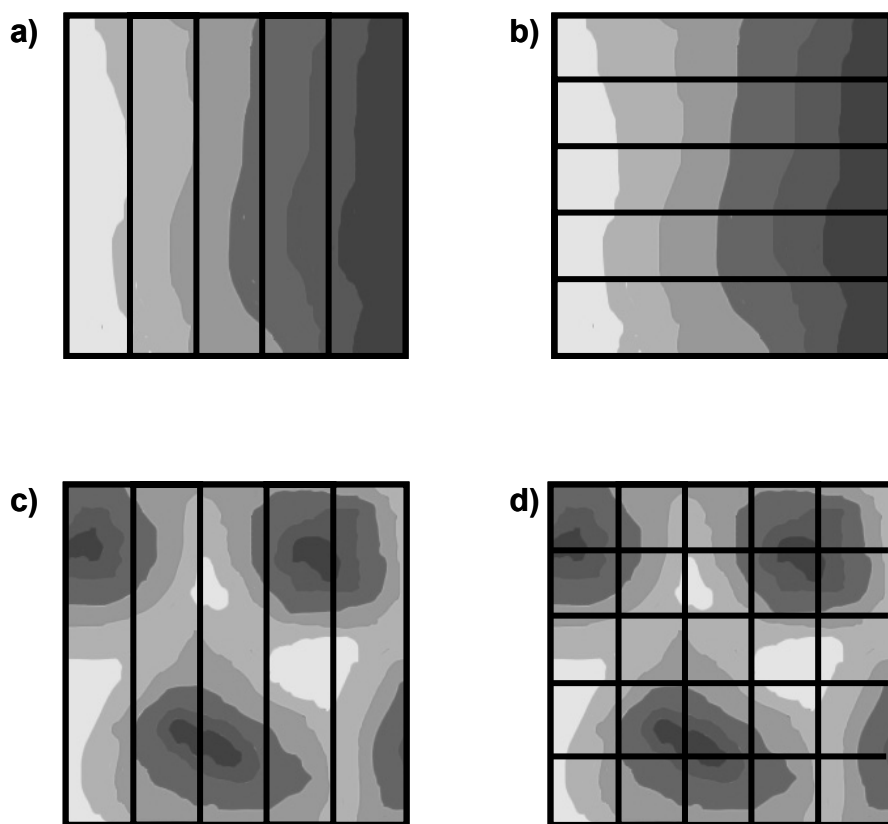
| Fuente de variación | GL  | Suma de cuadrados (SS)                  | Cuadrados medios (MS) | F ratio     | P>F             |
|---------------------|-----|---|-----------------------|-------------|-----------------|
| Factor              | t-1 | $\sum \sum (T_i - \bar{T})^2$           | $SS_t/GL_t$           | $MS_t/MS_e$ | $(F_{t-1,n-t})$ |
| Error               | n-t | $\sum \sum (T_{ij} - \bar{T})^2 - SS_t$ | $SS_e/GL_e$           |             |                 |

**b) Diseño de Bloques completos al azar**

| Fuente de variación | GL    | Suma de cuadrados (SS)                         | Cuadrados medios (MS) | F ratio     | P>F               |
|---------------------|-------|--|-----------------------|-------------|-------------------|
| Factor              | t-1   | $\sum \sum (T_i - \bar{T})^2$                  | $SS_t/GL_t$           | $MS_t/MS_e$ | $(F_{t-1,n-t-b})$ |
| Bloque              | b-1   | $\sum \sum (T_j - \bar{T})^2$                  | $SS_b/GL_b$           | $MS_b/MS_e$ | $(F_{b-1,n-t-b})$ |
| Error               | n-t-b | $\sum \sum (T_{ij} - \bar{T})^2 - SS_t - SS_b$ | $SS_e/GL_e$           |             |                   |

*GL*: grados de libertad; *t*: número de tratamientos; *b*: número de bloques; *n*: número total de observaciones; *SS*: suma de cuadrados; *MS*: cuadrados medios;  $\bar{T}$ ,  $T_i$ ,  $T_j$  y  $T_{ij}$  indican los promedios de todas las observaciones, del tratamiento *i*, del bloque *j* y del tratamiento *i* en el bloque *j*, respectivamente. Los sufijos *t*, *b* y *e* hacen referencia a los tratamientos, bloques y error, respectivamente.





**Figura 14.4.** Influencia del tamaño y distribución de los bloques sobre la eficiencia estadística de los diseños experimentales. Se representa el esquema de diseños experimentales con estructura de bloques sobre una variación ambiental en gradiente (figuras de arriba) y en manchas (figuras de abajo). En a), la estructura en bloques es capaz de absorber la mayoría de la variación espacial y el diseño resulta eficiente. En b) las diferencias entre bloques son mínimas y los bloques resultan internamente heterogéneos. La estructura en bloques no absorbe la variación espacial debido a una mala distribución de los bloques, resultando en un diseño claramente ineficiente. Bajo una estructura espacial en parches de escala menor que el tamaño de los bloques (c), los bloques resultan claramente heterogéneos y no absorben la variación espacial. La variación entre bloques y la homogeneidad dentro de los bloques aumenta al reducir el tamaño de los bloques (d), mejorándose la eficiencia del diseño.

En cualquier caso, conocido o no el patrón de la variable dependiente, en muchas ocasiones resulta muy difícil e incluso imposible conseguir bloques homogéneos, ya que su tamaño resulta mayor que la escala de la dependencia espacial de variables ambientales que van a afectar su respuesta. Esto es común cuando el número de niveles o/y el tamaño de las

unidades experimentales es muy grande o cuando la escala del patrón espacial es pequeña. Como norma general, cuanto menor sea el tamaño del bloque, mayor posibilidad de acierto (Federer y Nguyen 2002). Considerando que el número de niveles a estudiar es algo predefinido e inmodificable, la disminución del tamaño del bloque sólo se puede conseguir bien reduciendo el tamaño de las unidades experimentales, bien reduciendo el número de tratamientos por bloque, mediante el establecimiento de diseños incompletos. A modo de ejemplo, la reducción de la unidad experimental es una tendencia común en los diseños genéticos agronómicos o forestales. En estos últimos, los diseños con unidades experimentales de tamaño mínimo, i.e. monoárbol, se muestran claramente más eficientes en el análisis de variables espacialmente correlacionadas (Magnussen 1993b, Fu *et al.* 1999a, Dutkowski *et al.* 2002). Para un mismo número de unidades muestrales por tratamiento (árboles de una familia en un ensayo genético), en general es preferible reducir el tamaño de la unidad experimental y aumentar el número de bloques (Legendre *et al.* 2004).

La idea de mejorar la eficiencia del diseño mediante la reducción del tamaño de los bloques se originó en el campo de la agronomía en los años 30 (Yates 1936). En los diseños de bloques incompletos no todos los niveles del factor aparecen en cada bloque, resultando en bloques más pequeños, y por tanto, supuestamente más homogéneos (Fig. 14.3). El aumento de la varianza entre bloques se refleja en una disminución de la variación residual, mejorándose con ello la potencia del análisis. Para determinar la variación entre bloques con distintos tratamientos es preciso recurrir a comparaciones indirectas entre unidades experimentales de bloques incompletos distintos. Para hacer esto de forma eficiente es preciso que la adjudicación de los distintos tratamientos a los bloques se realice siguiendo algoritmos que maximicen y homogenicen el número de concurrencias de todos los pares posibles de tratamientos. Existen muchos tipos de diseños de bloques incompletos como los diseños " $\alpha$ -lattice", diseños fila-columna o los diseños latinizados. La eficiencia de éstos varía y, en general, es proporcional al grado de complejidad y a los requisitos necesarios en cuanto a las dimensiones y forma del ensayo (Fu *et al.* 1999a, Gezan *et al.* 2006). La mayoría de los paquetes estadísticos incorporan rutinas para generar diseños de bloques incompletos, que pueden analizarse fácilmente utilizando modelos lineales mixtos (Littell *et al.* 1996). También existe software específico para la generación y análisis de estos diseños, como CYCDesign, Alpha+, Gendex o Echip (Federer y Nguyen 2002).

### 14.3. REPERCUSIONES EN EL ANÁLISIS DE EXPERIMENTOS

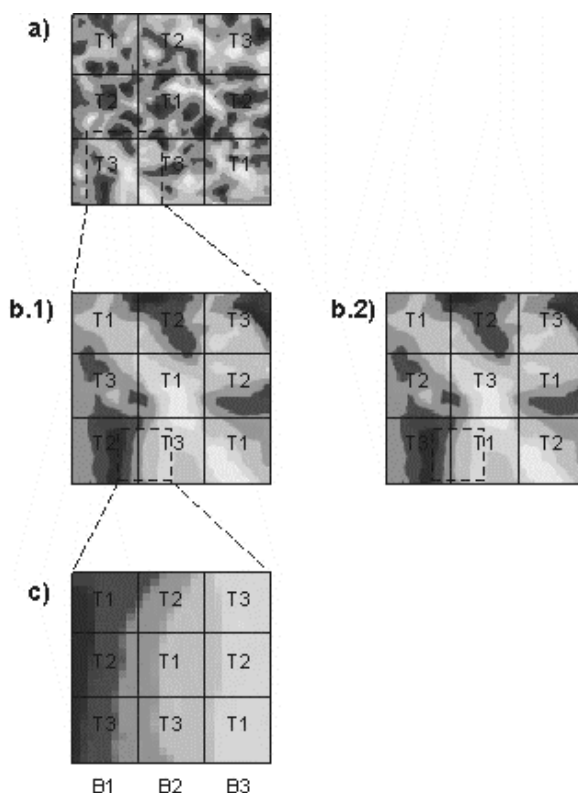
El aumento en la eficiencia estadística de los diseños experimentales mejora la situación pero, en ocasiones, ante patrones espaciales intensos y a pequeña escala, puede no ser suficiente. Si los bloques -completos o incompletos- resultan internamente heterogéneos, gran parte de la variación ambiental permanecerá sin identificar y quedará incluida dentro de la variación residual, disminuyendo la potencia del análisis.

Cuando el diseño experimental no acomoda la heterogeneidad espacial, los datos presentan una autocorrelación que supone la violación del requisito de independencia de los métodos estadísticos convencionales. Las pruebas de inferencia estadística se basan en estadísticos que, bajo los supuestos del análisis, siguen una distribución determinada, función de los grados de libertad del factor en cuestión y del error. Con datos independientes, cada observación suma un grado de libertad y los grados de libertad del error se determinan a partir del número total de observaciones y de niveles del factor (Tabla 14.1). Sin embargo, con datos autocorrelacionados espacialmente, conocido el valor en un punto se puede predecir, en cierta medida, el valor en las posiciones vecinas, de tal manera que cada observación, realmente, no supone un grado de libertad completo (Legendre 1993; véase el Capítulo 1 para una discusión sobre este tema). Si a la hora del análisis no se tiene en cuenta esta autocorrelación espacial, la distribución predicha de los estadísticos de inferencia es errónea y el análisis puede no resultar válido.

Existen multitud de trabajos en estadística, agronomía y ecología que analizan el efecto de la heterogeneidad espacial en los resultados y validez de las pruebas estadísticas de inferencia (p. ej. Dutilleul 1993b, Magnussen 1993a, Azais *et al.* 1998, Fu *et al.* 1999b, Dale y Fortin 2002, Dutkowski *et al.* 2002, Legendre *et al.* 2004). Todos estos trabajos concluyen consensuadamente que los efectos de la autocorrelación espacial pueden ser muy importantes y pueden llegar a invalidar las conclusiones de los análisis. Sin embargo, los resultados particulares de estos trabajos difieren notablemente entre sí. Así, mientras unos observan que la autocorrelación espacial aumenta la probabilidad de cometer errores de tipo I (rechazar la hipótesis nula cuando es cierta), otros encuentran el efecto opuesto (aumento de errores de tipo II o aceptar la hipótesis nula siendo falsa). La

explicación a esta aparente contradicción, como veremos a continuación, se encuentra posiblemente en cuestiones relacionadas con la escala y el diseño experimental (Dutilleul 1998, Zas 2006a).

Como ya se comentó anteriormente, el estadístico F utilizado para el contraste de hipótesis en el análisis de varianza se deriva del cociente de los cuadrados medios del factor y los del error experimental, o varianza residual. Cuanto mayor sea este estadístico menor es la probabilidad de aceptar la hipótesis nula o, en otras palabras, mayor probabilidad de considerar significativas las diferencias entre los niveles del factor estudiado. La heterogeneidad espacial aumenta la varianza de la variable dependiente. Si el diseño experimental no absorbe esta nueva variación, ésta quedara incluida en el error, disminuyendo el ratio F y aumentando con ello la probabilidad de cometer un error de tipo II (no detectar diferencias cuando realmente las hay; ver Zas 2006a para un ejemplo). Sin embargo, con datos espacialmente correlacionados y unidades experimentales de varias unidades muestrales (p. ej. cinco plantas por unidad experimental), la variación dentro de las unidades experimentales tiende a ser menor, lo que disminuye la variación dentro de cada tratamiento y por tanto favorece la detección de diferencias aún no habiéndolas (error tipo I). Cuando la escala del patrón espacial es inferior al tamaño de la unidad experimental, el ruido de la autocorrelación espacial quedara incluido en el error y estaremos en la primera situación (aumento del error tipo II; Fig. 14.5a). Si la escala es mayor, la probabilidad de cometer errores de tipo I o II dependerá de la disposición de los tratamientos dentro de cada bloque. Si el reparto aleatorio provoca que ciertos tratamientos se sitúen siempre sobre unidades experimentales favorecidas o desfavorecidas dentro de cada bloque, la variabilidad dentro de tratamientos disminuirá y la variación entre tratamientos aumentará, favoreciendo la probabilidad de cometer errores de tipo I (considerar diferencias significativas cuando no las hay; Fig. 14.5.b1). Por el contrario, si el reparto de tratamientos sobre unidades favorecidas o desfavorecidas no se repite entre bloques, la heterogeneidad espacial generará una variación extra dentro de cada tratamiento que dificultará la detección de diferencias (error tipo II; Fig. 14.5.b2). Esta variación se refleja en una interacción tratamiento  $\times$  bloque, cuya interpretación biológica debería estar relacionada con la sensibilidad de los tratamientos a la variación ambiental. Sin embargo, esta interacción, conocida también como variación entre unidades experimentales o *plot varian-*

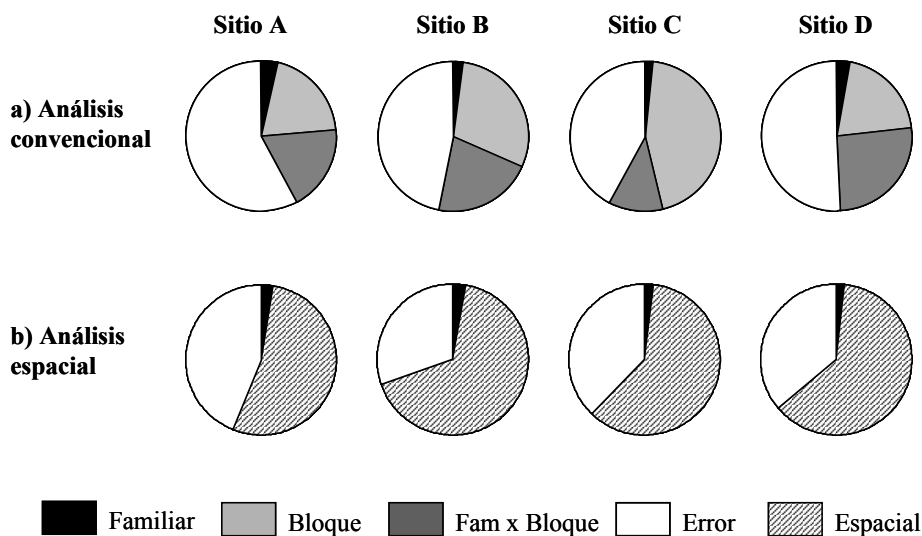


**Figura 14.5.** Esquema de un diseño de bloques completos al azar con tres tratamientos (T1-T3) y tres bloques (B1-B3) sobre una estructura espacial heterogénea a distintas escalas. Cada figura se obtiene de una porción de la figura anterior. En a) la heterogeneidad espacial se presenta dentro de las unidades experimentales (u.e.), pero no afecta a la variación entre éstas y, por tanto, a la estimación de los efectos de cada tratamiento. Sin embargo, la variación dentro de las u.e. supone un aumento de la variación del error que dificulta la detección de diferencias entre tratamientos (error tipo II). En b) la heterogeneidad espacial se presenta entre u.e., resultando, dentro de cada bloque, que unas u.e. se ven más favorecidas que otras. En función del reparto al azar de los tratamientos en cada bloque, los efectos de la correlación espacial serán diferentes. En b.1) los tratamientos adjudicados a las u.e. favorecidas o desfavorecidas se repiten en todos los bloques (T2 se sitúa en u.e. favorecidas [tono oscuro], T3 en situaciones intermedias y T1 en u.e. desfavorecidas [tono claro]), resultando en una sobreestimación de los efectos principales, una disminución de sus errores estándar y un aumento de probabilidad de cometer un error tipo I. En b.2), por el contrario, el reparto de tratamientos sobre zonas favorecidas o desfavorecidas no se repite entre bloques. La repercusión en el análisis es una importante interacción tratamiento  $\times$  bloque y un aumento de los errores estándar de las estimaciones de los efectos principales que dificulta la comparación entre tratamientos (error tipo II). En c) la heterogeneidad ambiental se presenta entre bloques, siendo las u.e. dentro de éstos suficientemente homogéneas. El diseño de bloques absorbe la mayoría de la variación espacial, por lo que resulta estadísticamente eficiente.

ce, es en realidad una consecuencia directa de la heterogeneidad espacial dentro de los bloques que dificulta la detección de diferencias entre tratamientos. En multitud de experimentos de diversas disciplinas científicas este componente del análisis resulta significativo y cuantitativamente importante, sugiriendo que la incidencia de la heterogeneidad espacial es muy frecuente.

Siguiendo el argumento del párrafo anterior, las diferencias en los diseños experimentales son probablemente las responsables de que, mientras en ecología el problema de la autocorrelación espacial reside en un aumento de la probabilidad de cometer errores tipo I (p. ej. Legendre *et al.* 2004), en agronomía el problema es principalmente el de cometer errores tipo II (p. ej. Dutkowsky *et al.* 2006). A modo de ejemplo, la Figura 14.6a muestra la descomposición de la varianza para el desarrollo en altura a los 8 años en cuatro ensayos genéticos de *Pinus pinaster*. En estos ensayos se evalúan un total de 116 familias de polinización abierta derivada de árboles *plus* seleccionados por crecimiento y forma. El diseño en todos ellos es de bloques completos al azar con 10 bloques y unidades experimentales de 5 árboles contiguos (Zas 2006b). Cada ensayo contiene alrededor de 5000 árboles, ocupando una superficie próxima a las 5 ha, con bloques de alrededor de 0,5 ha de tamaño. Es fácil imaginarse que el desarrollo de los árboles en una superficie tan grande e irregular (terrenos forestales) muestra una importante correlación espacial. Ésta puede detectarse fácilmente a raíz de los resultados del análisis de varianza convencional, donde se observa un importantísimo efecto del bloque y sobre todo, de la interacción tratamiento  $\times$  bloque, que enmascaran la eventual variación genética entre las familias. El nivel de significación del factor bloque y de la interacción de éste con los tratamientos puede considerarse, por tanto, como un indicativo de la incidencia de la estructura espacial de los datos sobre el análisis del experimento.

Cometer un error de tipo I o II como los descritos supone una equivocación cualitativa que invalida completamente las conclusiones del análisis. Esto no es frecuente que ocurra gracias al uso de diseños experimentales y a que el patrón espacial de las variables estudiadas raramente es tan intenso. Así, Legendre *et al.* (2004), analizando una gran cantidad de simulaciones con correlaciones espaciales conocidas, encuentran que, si bien los diseños completamente aleatorizados (CA) deben descartarse para el análisis de variables espacialmente autocorrelacionadas, los diseños de bloques comple-



**Figura 14.6.** Descomposición de la varianza para el crecimiento en altura en cuatro ensayos de progenie de *Pinus pinaster* mediante análisis convencional (a) y teniendo en cuenta la autocorrelación espacial (b). Los ensayos siguen un diseño de bloques completos al azar con 10 bloques y unidades experimentales de cinco árboles contiguos. El número de familias evaluadas en cada ensayo varía entre 79 y 98, y el número de plantas total entre aproximadamente 4000 y 5000, ocupando una superficie de 4-5 ha. En los cuatro ensayos, la altura a los ocho años muestra un claro patrón espacial en manchas de tamaño inferior a los bloques. A pesar de que la estructura en bloques del diseño experimental es capaz de absorber una importante proporción de la variación espacial (figuras de arriba), el diseño de bloques completos resulta claramente insuficiente. Los bloques son internamente homogéneos, resultando en una importante interacción familia  $\times$  bloque que disminuye de forma notable la precisión de la estimación de los valores de mejora familiares y dificulta la comparación estadística entre familias. La covariación eliminada tras el pertinente ajuste espacial (área rayada en figuras inferiores) varía entre el 53 y 67% de la variación total. En términos relativos, en relación a la variación residual, el porcentaje de varianza explicada por las diferencias entre familias aumenta substancialmente tras el ajuste espacial. Adaptado de Zas (2006b).

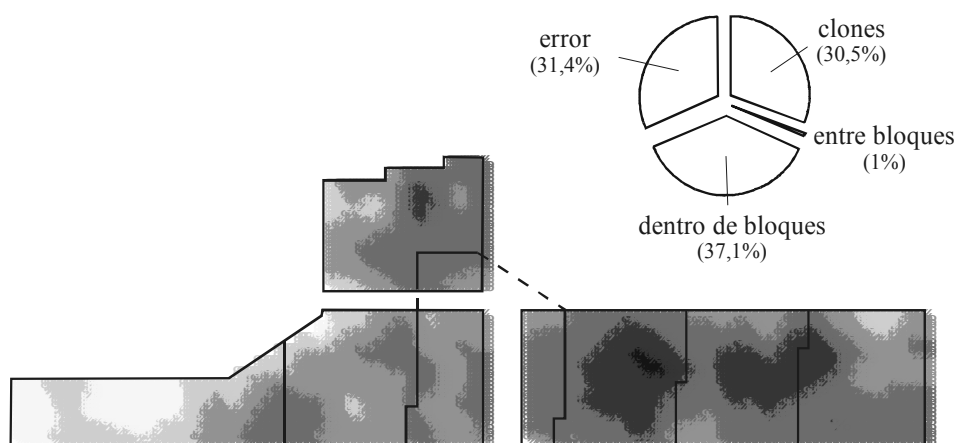
tos al azar son razonablemente eficientes. Todas las simulaciones realizadas en dicho trabajo contemplan únicamente 3 tratamientos repetidos en 12, 27 o 48 unidades experimentales cada uno. Con tantas repeticiones y un número tan bajo de niveles del factor no debe sorprender que los diseños sencillos como el de BCA resulten satisfactorios. Sin embargo, en otras muchas situaciones, cuando el número de repeticiones es menor y el número de niveles mayor, los efectos de la autocorrelación espacial pueden ser mucho más notables, especialmente desde un punto de vista cuantitativo. Esto es frecuente en el campo de la mejora genética vegetal, donde se manejan ex-

perimentos con decenas o cientos de variedades genéticas, y donde la precisión en la estimación de los componentes de la varianza y de los efectos del modelo cobra especial relevancia (Magnussen 1993b, Qiao *et al.* 2000, Dutkowski *et al.* 2002). En estos casos, donde el problema radica en los efectos cuantitativos de la autocorrelación espacial, los diseños experimentales son con frecuencia insuficientes y es preciso recurrir a métodos de análisis alternativos (Magnussen 1990, Costa-Silva *et al.* 2001, Saenz-Romero *et al.* 2001, Hamann *et al.* 2002, Dutkowski *et al.* 2006).

El efecto de la correlación espacial sobre la estimación de los componentes de la varianza depende, de nuevo, de la escala del patrón espacial y del diseño experimental. En general, la autocorrelación espacial aumenta la varianza del error y por tanto disminuye proporcionalmente la varianza explicada por los factores del modelo. Esto es lo comúnmente observado en los ensayos genéticos de cultivos agrícolas o forestales. Por ejemplo, Díaz *et al.* (2007), analizando la variabilidad genética entre clones de cerezo en resistencia a una enfermedad fúngica, encontraron importantes reducciones de la varianza residual tras ajustar los datos eliminando la autocorrelación espacial. Más de la mitad de la variación residual tenía su origen en la estructura espacial. Al eliminar ésta, el porcentaje de variación genética (varianza entre clones) aumentó substancialmente, pasando del 30% al 50% de la variación total. La incidencia de la enfermedad en el ensayo analizado por estos autores resultó claramente heterogénea a escalas inferiores a las del tamaño de los bloques, y el diseño de bloques completos utilizado no fue eficaz (Fig. 14.7). Zas (2006b) obtiene resultados similares tras ajustar los datos según la autocorrelación espacial en los ensayos de progenie descritos anteriormente. Tras el ajuste espacial, la varianza residual disminuye notablemente, y el componente de la varianza familiar (el factor estudiado) aumenta substancialmente en relación a éste (Fig. 14.6b), resultando en estimaciones de la heredabilidad notablemente superiores.

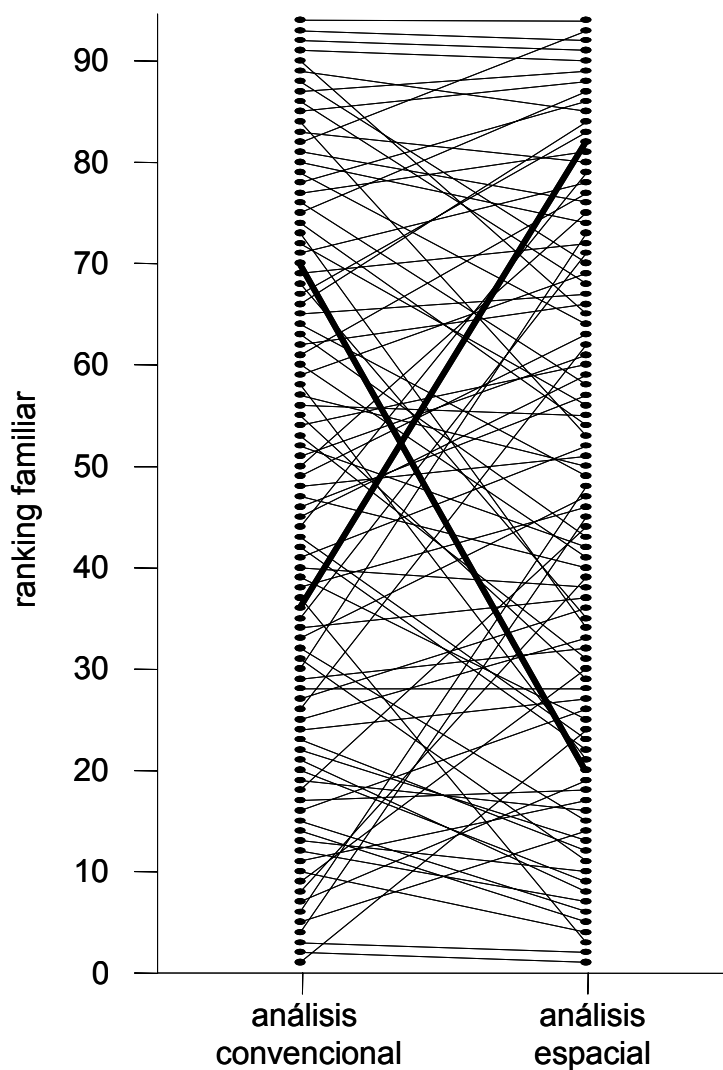
Otra repercusión importante de la estructura espacial es su influencia sobre la estimación de los efectos del modelo. Aunque, de nuevo, el efecto depende de la escala del patrón espacial en relación al tamaño de los bloques y de las unidades experimentales, la heterogeneidad espacial dentro de los bloques provoca, en general, que unos tratamientos resulten más favorecidos que otros (Fig. 14.5b). Este efecto tiende a diluirse al aumentar el número de réplicas ya que, al distribuir al azar los tratamientos dentro de los bloques, la probabilidad de que un determinado tratamiento se vea





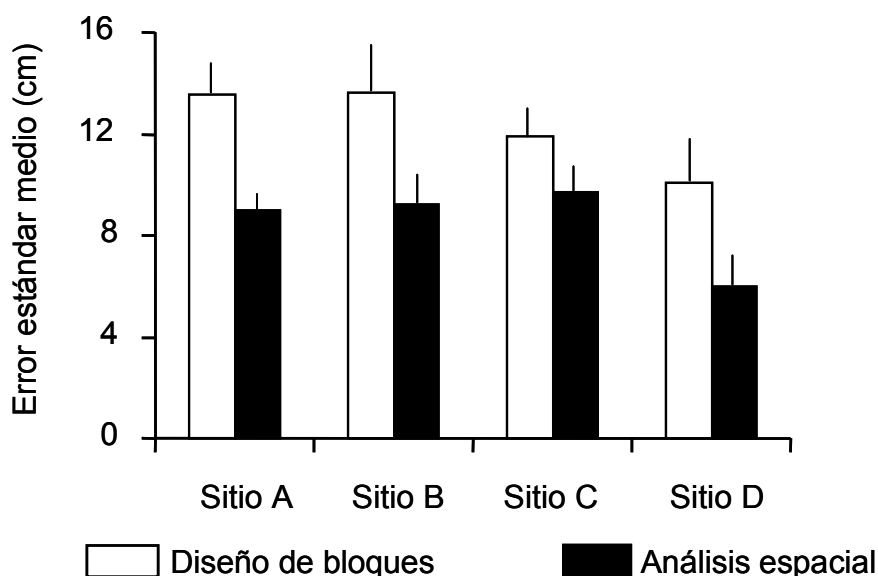
**Figura 14.7.** Distribución de la infección por cilindrosporiasis (enfermedad foliar causada por *Blumeriella jaapii*) en un huerto semillero clonal de cerezo (*Prunus avium*) en Galicia, y descomposición de la varianza fenotípica para la evaluación de los síntomas causados por esta enfermedad. La escala de la heterogeneidad espacial de la incidencia de la enfermedad es inferior al tamaño de los bloques, por lo que éstos resultan claramente heterogéneos. La estructura en bloques del diseño sólo es capaz de absorber un 1% de la variación total, mientras que la variación generada por la autocorrelación espacial supone el 37,1%. Si la autocorrelación de los datos es obviada, toda esta variación quedaría incluida en el error, resultando en una drástica disminución relativa de la varianza genética entre clones. El diseño de bloques completos al azar resulta claramente ineficaz para el análisis de esta variable. Adaptado de Díaz et al. (2007).

globalmente favorecido disminuye al aumentar el número de bloques. Ésta es la situación más común, donde los efectos de la heterogeneidad intra-bloque se compensan entre los distintos bloques. De esta manera, la autocorrelación espacial no altera la estimación de los efectos del modelo, pero genera una importante interacción factor  $\times$  bloque que redundará en un aumento notable del error estándar de estas estimaciones (ver ejemplo en Zas 2006a). Sin embargo, en determinadas situaciones, como en el caso de los ensayos genéticos de especies arbóreas, la heterogeneidad espacial puede afectar notablemente a la estimación de los efectos, modificando el ranking relativo de las unidades genéticas ensayadas. Esta alteración del ranking puede tener importantes consecuencias en los procesos de selección y mejora, ya que puede conducir a descartar genotipos con alto valor genético y seleccionar otros con valores de mejora inferior, resultando en una pérdida de ganancia genética potencial (Zas 2008). Para ilustrar estos efectos, volvamos al caso de los ensayos de progenie de *P. pinaster* estudiados en Zas (2006b). La Figura 14.8 muestra los cambios de ranking entre las familias estudiadas en uno de los ensayos tras ajustar los datos elimi-



**Figura 14.8.** Efecto de la autocorrelación espacial en el ranking familiar en un ensayo de progenie de *Pinus pinaster* de 94 familias instalado bajo un diseño de bloques completos al azar con 10 bloques y unidades experimentales de cinco plantas contiguas. Se presenta los resultados del ranking en crecimiento a los 8 años obtenido mediante un análisis de varianza convencional, que ignora la autocorrelación espacial, y mediante un método de ajuste espacial basado en técnicas de geoestadística. Nótese los drásticos cambios de ranking, como en el caso de las dos familias resaltadas, cuyo comportamiento relativo se invierte tras el ajuste espacial. Adaptado de Zas (2006b).

nando la autocorrelación espacial. Como puede observarse, los resultados del análisis convencional y del análisis espacial son notablemente distintos y, en ocasiones, las diferencias pueden ser dramáticas, como en el caso de las dos familias señaladas cuyo comportamiento relativo se invierte tras el ajuste. Por otra parte, la Figura 14.9 muestra la reducción de los errores estándar de la estimación de los efectos familiares tras el ajuste espacial de los datos. La mejora en la precisión tras la eliminación del ruido generado por la autocorrelación espacial varía entre el 20 y el 40%. La comparación estadística entre familias mejora paralelamente.



**Figura 14.9.** Efecto de la autocorrelación espacial en la precisión de la estimación de los efectos familiares en cuatro ensayos de progenie de *Pinus pinaster* instalados siguiendo un diseño de bloques completos al azar con 10 bloques y 5 árboles por unidad experimental. Se presentan los errores estándar (promedio  $\pm$  desviación estándar) de los BLUPs (best linear unbiased predictor) de los efectos familiares obtenidos mediante un análisis convencional que ignora la autocorrelación de los datos y mediante un método de ajuste espacial basado en técnicas de geoestadística.

#### 14.4. MÉTODOS DE ANÁLISIS

Desde que en 1937, Papadakis (1937) propusiera el método de ajuste espacial basado en la covariación de las unidades experimentales vecinas, se han desarrollado multitud de aproximaciones estadísticas para solventar el problema

del análisis de datos espacialmente autocorrelacionados (p. ej. Cressie 1993, Ver-Hoef y Cressie 2001, Dale y Fortin 2002, Fortin y Dale 2005, Schabenberger y Gotway 2005). La cantidad y diversidad de métodos diferentes es tan grande que, tal como apuntan Gilmour *et al.* (1997), se ha generado cierto grado de confusión sobre los mismos, que quizás haya redundado en una falta de confianza y en su escasa utilización. La dificultad de cálculo y la complejidad conceptual de muchos de estos métodos también han contribuido a su escasa difusión. Sin embargo, son muchos los trabajos y disciplinas donde la ventaja y/o necesidad de utilizar estos modelos queda rotundamente demostrada (p. ej. Bartlett 1978, Wilkinson *et al.* 1983, Cullis y Gleeson 1991, Brownie y Gumpertz 1997, Liebholt y Sharov 1998, Qiao *et al.* 2000, Fortin y Payette 2002, Lichstein *et al.* 2002, Legendre *et al.* 2004, Dutkowski *et al.* 2006, Zas 2006b, Zas *et al.* 2007).

En el presente apartado se presentan los métodos más comúnmente utilizados para solventar el problema de la autocorrelación espacial en experimentos diseñados para testar una determinada hipótesis. Estos métodos se presentan de forma muy breve, explicándose de la forma más sencilla e intuitiva posible, intentando evitar los pormenores estadísticos que se escapan del propósito del presente capítulo. El lector puede recurrir a las referencias aportadas para profundizar sobre cada uno de ellos. Muchos de los métodos expuestos se utilizan después en el caso práctico desarrollado en el apartado 14.5, utilizando el programa estadístico SAS (SAS Institute 1999). Todos los códigos de los programas SAS correspondientes se adjuntan en el CD que acompaña a este libro (carpeta "Capítulo 14").

#### 14.4.1. Soluciones sencillas

La solución más sencilla y rápida, pero también la más burda e ineficaz, es reconocer la existencia de autocorrelación espacial y modificar el nivel de significación  $\alpha$  del test de inferencia a un valor más conservador (p. ej. utilizar  $\alpha = 0,01$  en lugar de  $\alpha = 0,05$ ; Dale y Fortin 2002, Fortin y Dale 2005). El nivel de significación  $\alpha$  equivale a la tasa de error tipo I que se está dispuesto a cometer. Reduciendo el valor de  $\alpha$  se compensa el aumento de probabilidad de cometer este tipo de error que genera la autocorrelación espacial. Sin embargo, desconociendo en qué medida la autocorrelación espacial de los datos está alterando la tasa real de este error, el ajuste del nivel de significación es siempre arbitrario. Existe por tanto el riesgo de ser excesivamente conservador, lo que redundaría en un aumen-

to de errores de tipo II, es decir, considerar no significativos factores que en realidad sí lo son (Fortin y Dale 2005).

Otra forma de abordar el problema es intentar adaptar la escala del estudio o ensayo a tamaños donde la autocorrelación espacial no se manifieste, de tal manera que las observaciones a analizar sean espacialmente independientes. Esta aproximación es en general difícil de aplicar ya que requiere un conocimiento previo de la estructura espacial a distintas escalas, o el descarte de muchas de las observaciones (Ostendorf y Reynolds 1998). Además, aunque muchos de los modelos espaciales convencionales consideran que la dependencia espacial se manifiesta sólo hasta una determinada distancia (p. ej. modelo esférico para el semivariograma, véase el apartado 6.3), la independencia espacial real es, en realidad, difícil de alcanzar. En cualquier caso, como ya se comentó anteriormente, el considerar la escala de la dependencia espacial a la hora de diseñar el experimento es siempre una buena práctica que puede facilitar mucho el análisis posterior del mismo.

Una de las formas más intuitivas de entender el efecto de la autocorrelación espacial en el análisis estadístico es valorar cómo ésta afecta al tamaño de muestra. En presencia de autocorrelación espacial, las observaciones son dependientes y es posible predecir en cierta medida el valor de un punto en función del valor de la variable en las posiciones vecinas. Las observaciones dependientes, por tanto, aportan menos información que las observaciones independientes; en otras palabras, el tamaño de muestra *efectivo* es menor que el tamaño de muestra real. Para determinados análisis sencillos es posible determinar en qué medida hay que modificar el tamaño muestral para ajustarse a la autocorrelación espacial de los datos (Cressie 1993, Dutilleul 1993a, Dale y Fortin 2002, Fortin y Dale 2005). En general el tamaño de muestra efectivo  $n'$  viene dado por (Fortin y Dale 2005):

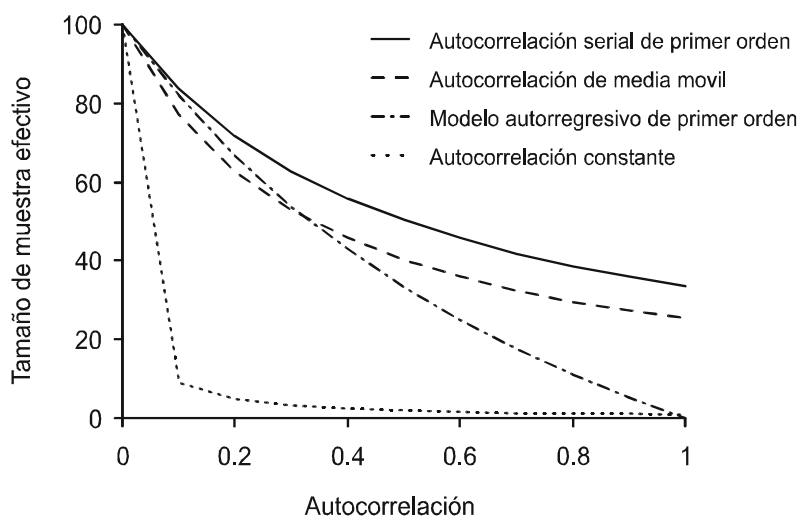
$$n' = \frac{n^2}{\sum_i \sum_j \rho_{ij}^2} \quad (14.1)$$

donde  $n$  es el tamaño de muestra real y  $\rho_{ij}$  es el coeficiente de correlación espacial entre las posiciones  $i$  y  $j$ . Conociendo la estructura espacial de los datos es posible, por tanto, determinar el ajuste necesario del tamaño de muestra. Así, por ejemplo, para el típico modelo espacial autorregresivo de primer orden (modelo exponencial en el semivariograma), donde la autocorrelación

espacial entre dos posiciones es  $\rho^{|i-j|}$ , siendo  $|i-j|$  la distancia separando ambos puntos, el tamaño de muestra efectivo viene dado por (Cressie 1993):

$$n' = n \frac{1 - \rho}{1 + \rho} \quad (14.2)$$

En la Figura 14.10 se muestra la variación del tamaño de muestra efectivo en función del modelo de estructura espacial y de la intensidad de la autocorrelación. La reducción es muy notable, llegándose a reducir el tamaño de muestra a la mitad con niveles de autocorrelación como los habitualmente encontrados en muchas variables ecológicas. Estas correcciones del tamaño de muestra se han mostrado válidas para análisis sencillos como la comparación de medias entre dos (*t*-test) o más (ANOVA *F*-test) poblaciones (Dale y Fortin 2002, Fortin y Dale 2005). En este último caso, la corrección se aplica a los grados de libertad del error y así, para comparar *k* niveles de un determinado factor, el estadístico *F* debería contrastarse con la distribución *F* con *k*-1 y *n'*-*k* grados de libertad, siendo *n'* el tamaño de muestra efectivo.



**Figura 14.10.** Reducción del tamaño de muestra a causa de la autocorrelación espacial en una muestra de tamaño 100 asumiendo varios modelos de estructura espacial. En la autocorrelación serial de primer orden, las observaciones adyacentes muestran una correlación  $\rho$  mientras que todos los demás pares de puntos no están correlacionados. En el modelo de media móvil presentado, la autocorrelación espacial es  $\rho$  y  $\rho/2$  para los pares de puntos separados una y dos posiciones, respectivamente, y 0 para el resto. En el modelo autorregresivo, la correlación entre dos puntos es  $\rho^{|i-j|}$  donde  $|i-j|$  es la distancia que los separa. El modelo de autocorrelación constante asume una autocorrelación  $\rho$  para todos los pares de puntos o distancias.

Cuando se corrige el tamaño de muestra según se ha descrito, el factor en cuestión será considerado significativo con mayor dificultad. Esto implica que la autocorrelación espacial siempre estaría aumentando el error de tipo I, pero, como se comentó anteriormente, el efecto no siempre es en este sentido. La clave de esta aparente contradicción reside en la autocorrelación negativa entre posiciones más alejadas. En una estructura en forma de manchas, la autocorrelación es positiva a distancias cortas pero es negativa a distancias largas (las distancias que separan los picos y los valles). La autocorrelación negativa puede, en realidad, aumentar el tamaño de muestra, en vez de reducirlo, con lo que su efecto sobre los tests de inferencia puede ser el opuesto (Fortin y Dale 2005).

Otra alternativa sencilla para mejorar la situación ante autocorrelaciones espaciales no excesivamente intensas es modificar el estadístico  $F$  utilizado para testar la hipótesis nula en un análisis de varianza. Así, Legendre *et al.* (2004), trabajando con datos simulados, encuentran que el estadístico alternativo  $F_1$ , que utiliza la suma de los cuadrados medios del error y de la interacción tratamiento  $\times$  bloque en el denominador, genera mejores tasas de error tipo I y resulta en tests de mayor potencia. Sin embargo, el uso de este estadístico sólo es válido cuando la interacción no es significativa y cuando la autocorrelación espacial está aumentando la probabilidad de cometer un error de tipo I. En situaciones donde la estructura espacial de los datos genera una importante interacción tratamiento  $\times$  bloque, que dificulta la comparación de tratamientos (Fig. 14.5b), el uso del estadístico  $F_1$  no parece justificado.

#### 14.4.2. Ajustes espaciales

Cuando las alternativas sencillas descritas anteriormente no son suficientes para corregir el efecto de la autocorrelación espacial, se puede recurrir a distintos métodos de ajuste cuyo fin último es “limpiar” las observaciones de la covariación debida a la dependencia espacial. Estos métodos son en general bastante intuitivos y fáciles de comprender, pero, en ocasiones, no tan sencillos de aplicar. A continuación se describen brevemente algunos de los métodos más relevantes de ajuste espacial.

#### 14.4.2.1. Corrección por el vecino más próximo

Los distintos métodos de ajuste por el vecino más próximo, conocidos como métodos NN (*Nearest neighbour methods*), derivan del método original propuesto por Papadakis en los años 30 (Papadakis 1937). En general, todos los métodos de esta familia se basan en corregir los datos según la covariación en las unidades experimentales vecinas. En su versión más sencilla el procedimiento es como sigue. Primero se obtienen los residuales  $\varepsilon_{ij}$  asumiendo un diseño completamente aleatorizado, eliminando de los valores observados  $Y_{ij}$  los efectos (el promedio) de los distintos niveles del tratamiento ( $Y_i$ ):

$$\varepsilon_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i \quad (14.3)$$

A continuación se calcula la covariable de ajuste  $X_{ij}$  a partir de los residuales en las unidades experimentales vecinas. Por ejemplo, asumiendo una cuadrícula, cada unidad experimental tiene 4 vecinos y la covariable de ajuste se calcularía para la posición  $x, y$ :

$$X_{x,y} = \frac{1}{4}(\varepsilon_{x-1,y} + \varepsilon_{x+1,y} + \varepsilon_{x,y-1} + \varepsilon_{x,y+1}) \quad (14.4)$$

Esta nueva variable se utiliza bien para corregir la variable original, bien como covariable en un análisis de covarianza. Las variantes del método residen, fundamentalmente, en el número de vecinos considerados y en el peso que se le da a cada vecino en la corrección. Así, por ejemplo, cuando se corrige la variable original, se puede sustraer una cantidad proporcional al valor de los residuales en las posiciones vecinas y/o inversamente proporcional a la distancia de cada vecino, o incluso a la variación entre los residuales de los vecinos. A su vez, se puede considerar una única covariable para todas las direcciones (isotropía) o covariables diferentes para cada dirección (anisotropía; Stroup *et al.* 1994). Un paso más allá es la ejecución del método de forma iterativa, buscando eliminar el riesgo de la posible sobre-corrección de los datos (Bartlett 1978, Magnussen 1993a). Parte de la covariación espacial puede superponerse a la variación real entre tratamientos, por lo que eliminando la primera puede eliminarse involuntariamente parte de la segunda. Sin embargo, esto no es fácil que ocurra si la repetición y la aleatorización de los tratamientos se realiza correctamente (Zas 2006b). En cual-



quier caso, ejecutando el método de forma iterativa, este posible sesgo tiende a desaparecer (Magnussen 1993a).

Multitud de trabajos demuestran las notables ventajas de utilizar estos métodos para el análisis de variables que presentan heterogeneidad espacial, ya que disminuyen las tasas de error y aumentan la precisión de los análisis (Bartlett 1978, Wilkinson *et al.* 1983, Williams 1986, Stroup *et al.* 1994, Anekonda y Libby 1996, Brownie y Gumpertz 1997, Azais *et al.* 1998, Wu y Dutilleul 1999, Joyce *et al.* 2002). Sin embargo, en este tipo de métodos, el número de vecinos considerado y el peso que se le da a cada uno hay que determinarlo arbitrariamente, a pesar de que ambos factores pueden tener un importante impacto en los resultados del análisis (p. ej. Magnussen 1993a, Joyce *et al.* 2002).

#### 14.4.2.2. Análisis de tendencia de superficie

Otra manera sencilla de intentar ajustar los modelos según la estructura espacial de los datos es el uso de funciones polinómicas de las coordenadas espaciales como covariables, método denominado análisis de tendencia de superficie o *trend surface models* (Tamura *et al.* 1988, Schabenberger y Gotway 2005). En estos modelos el efecto del bloque se substituye por una función de superficie polinómica del tipo:

$$f(x,y) = \beta_0 x + \beta_1 y + \beta_2 x^2 + \beta_3 y^2 + \dots + \beta_{2k-2} x^k + \beta_{2k-1} y^k \quad (14.5)$$

La función óptima se selecciona añadiendo términos sucesivamente hasta que la introducción de un término adicional no resulta en una reducción significativa de la suma de cuadrados del error (Tamura *et al.* 1988). El modelo resultante:

$$Y_{i(x,y)} = \mu + \tau_i + f(x,y) + \varepsilon_{i(x,y)} \quad (14.6)$$

asume un error espacialmente independiente con una distribución  $N(0, \sigma^2)$ , donde  $\sigma^2$  representa la varianza residual. La dificultad de éste método reside en seleccionar la función de superficie adecuada ya que se comete el riesgo de sobreparametrizar ésta, ajustando un polinomio de grado ex-

cesivo. Ello reduciría en exceso la varianza residual y aumentaría la probabilidad de cometer un error de tipo I (Brownie y Gumpertz 1997). Una inspección del patrón espacial de los residuos del modelo considerando un diseño completamente aleatorizado puede ayudar en la selección de esta función. Para estructuras espaciales en gradiente o en manchas de gran tamaño este método puede resultar útil y fácil de implementar.

En general, antes de realizar los análisis, conviene centrar las coordenadas a sus respectivas medias ( $x' = x - \bar{x}$ ), o incluso estandarizarlas a una  $N(0,1)$ , con el fin de homogeneizar las escalas y reducir los problemas de colinearidad de los términos de mayor orden (Legendre 1993, Lichstein *et al.* 2002).

#### 14.4.2.3. Modelización con técnicas de geoestadística

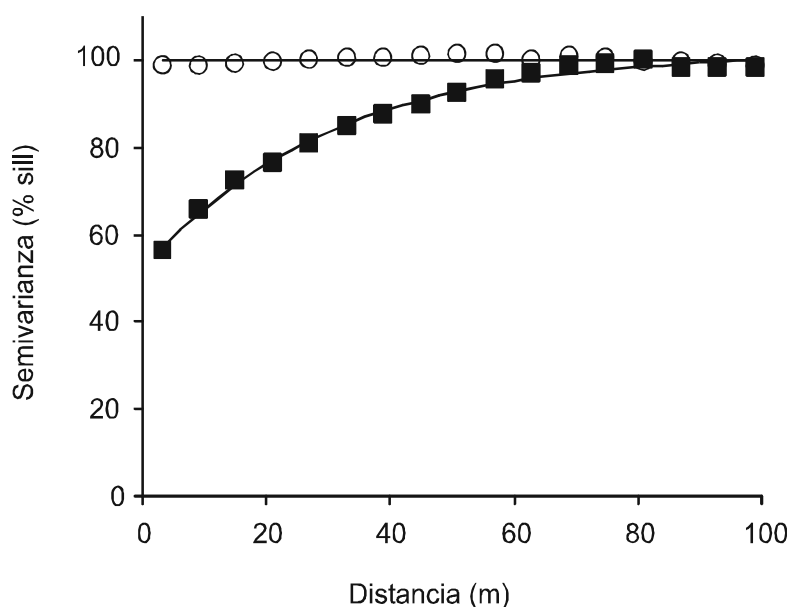
Siguiendo la filosofía de los métodos de ajuste por el vecino más próximo, las nuevas herramientas de geoestadística también pueden utilizarse para ajustar los datos y “limpiarlos” de la autocorrelación espacial (Ver-Hoef y Cressie 2001, Hamann *et al.* 2002, Zas 2006a, b, Díaz *et al.* 2007, Zas *et al.* 2007). La idea es modelizar la variación de los residuos mediante la construcción del correspondiente semivariograma y, utilizando el método de interpolación kriging, descomponer la variación residual en dos componentes, el patrón espacial y un residuo espacialmente independiente. El primero se utiliza, como en el caso del método de Papadakis, para corregir la variable original eliminando la covariación espacial modelizada. Al igual que en los métodos de ajuste por el vecino más próximo, esta nueva aproximación puede ejecutarse en un único paso (Hamann *et al.* 2002, Zas *et al.* 2007) o de forma iterativa (Zas 2006b, Díaz *et al.* 2007).

A continuación se describe el método ISA (*Iterative Spatial Analysis*) propuesto por Zas (2006b) para el análisis de ensayos genéticos forestales, donde la incidencia de la autocorrelación espacial cobra especial trascendencia. Otros métodos equivalentes pueden consultarse en Cressie (1993), Ver Hoef y Cressie (2001) o Hernández y Mulla (2002).

Al igual que en los métodos de ajuste NN, el método ISA parte de los residuos ( $\varepsilon_{ij}$ ) del modelo asumiendo un diseño completamente aleatorizado, es decir, sin considerar la estructura de los bloques en caso de que la hubiera:

$$\varepsilon_{ij} = Y_{ij} - \tau_i \quad (14.7)$$

A continuación se construye el semivariograma observado de estos residuos, también llamado semivariograma residual. En general, y con el fin de evitar los problemas de borde, el semivariograma observado se construye hasta una distancia próxima a la mitad del lado del área experimental. Tal como se vio en apartados anteriores, lo importante es modelizar la variación espacial a pequeña escala, es decir la variación que puede condicionar la homogeneidad de los bloques. La estructura espacial a distancias mayores será absorbida con facilidad por el propio diseño de bloques. La forma del semivariograma observado nos indicará si los residuos siguen una distribución espacial aleatoria (semivariograma plano) o si por el contrario, sufren algún tipo de dependencia espacial (semivarianza menor a distancias cortas). En el primer caso los residuos serían espacialmente independientes y no sería neces-



**Figura 14.11.** Semivariograma residual para el crecimiento en altura (cuadrados negros) y la forma del fuste (círculos blancos) a los 8 años en un ensayo de progenie de *Pinus pinaster* en Galicia. El semivariograma plano para la forma del fuste indica una distribución espacial aleatoria. Esta variable es espacialmente independiente y no precisa ningún tipo de ajuste. En el caso de la altura, la semivarianza disminuye claramente a distancias cortas, indicando que las observaciones cercanas son más parecidas que las lejanas o, en otras palabras, que los datos son espacialmente dependientes. En este último caso el modelo exponencial se ajusta estrechamente al semivariograma observado ( $r^2 > 0,99$ ;  $p < 0,001$ ) con un rango efectivo de  $3 \cdot a_0 = 60$  m y una intensidad del patrón espacial de  $c_0/(c_0 + c_n) = 52.7\%$ , lo que indica que más del 50% de la variación del error se explica por la estructura espacial de los datos.

rio realizar ningún tipo de ajuste. Sólo en el segundo caso es preciso continuar con el proceso de ajuste (Fig. 14.11). El siguiente paso es el ajuste de uno de los modelos disponibles de semivariogramas teóricos (lineal, esférico, gaussiano, exponencial, anidado, etc., ver Capítulo 6). Utilizando técnicas de regresión no lineal se ajusta el modelo más apropiado, obteniéndose de la ecuación correspondiente los parámetros básicos que definen la estructura espacial de los datos: rango o tamaño de las manchas ( $a_0$ ), *nugget* o semivarianza a distancia cero ( $c_n$ ), y varianza de la estructura de manchas o *partial sill* ( $c_0$ ).

A continuación, y utilizando los parámetros del semivariograma teórico, se modeliza la variación espacial de los residuos mediante el método kriging (Fig. 14.12). La variación de los residuos es así segregada en dos componentes, la variación debida a la propia estructura espacial (el mapa kriging,  $\eta_{ij}$ ) y el resto o variación espacialmente independiente ( $\delta_{ij}$ ):

$$\varepsilon_{ij} = \eta_{ij} - \delta_{ij} \quad (14.8)$$

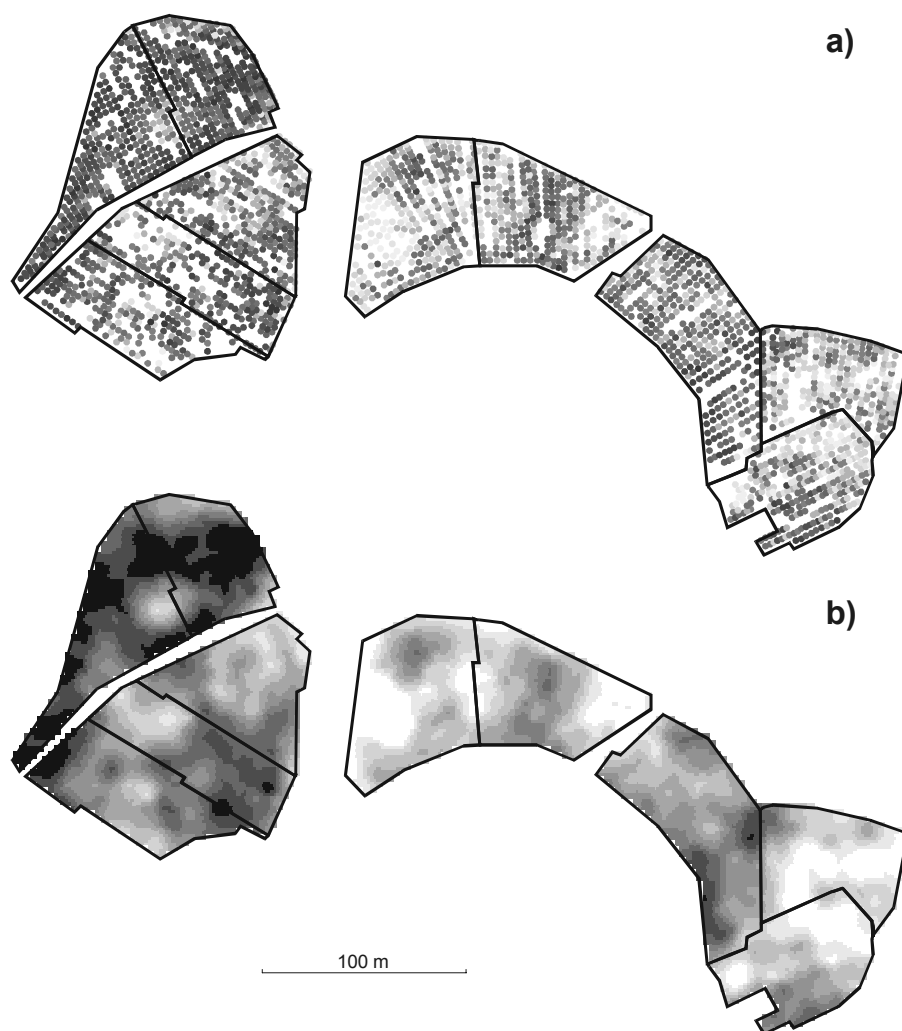
El método kriging es un método de interpolación robusto utilizado comúnmente para predecir el valor de la variable en puntos no muestreados, si bien aquí se utiliza para estimar la covariación originada por la dependencia espacial en la posición de cada unidad experimental. Los valores de la estimación kriging en cada posición pueden, por tanto, considerarse como la cantidad de la variable observada que se debe a la propia posición de la unidad experimental. Estos valores se utilizan entonces para corregir la variable original, eliminando de ésta la variación debida a la dependencia espacial:

$$Y'_{ij} = Y_{ij} - \eta_{ij} \quad (14.9)$$

Esta nueva variable, espacialmente independiente, se re-analiza de nuevo con el modelo convencional

$$Y'_{ij} = \mu + \tau'_i + \beta_j + \delta_{ij} \quad (14.10)$$

donde  $\delta_{ij}$  es ahora un error *independiente*, sin estructura espacial. Tras el ajuste espacial, el efecto de los bloques ( $\beta_j$ ) es en general mínimo.



**Figura 14.12.** Variación espacial (a) y modelización kriging (b) de los residuos del crecimiento en altura a los 8 años en un ensayo de progenie de *Pinus pinaster* en Galicia tras eliminar el efecto familiar. En el ensayo se evalúan un total de 78 familias de medios hermanos bajo un diseño de bloques completos al azar con 10 bloques (líneas negras) y cinco plantas contiguas de cada familia por unidad experimental. Los residuos muestran un claro patrón espacial a escala inferior a la del tamaño de los bloques, incumpléndose el requisito de independencia y el principio básico del diseño experimental, i.e. la homogeneidad de los bloques. El semivariograma correspondiente a la figura (a) y utilizado para la modelización kriging mostrada en (b) es el indicado en la Figura 14.11.

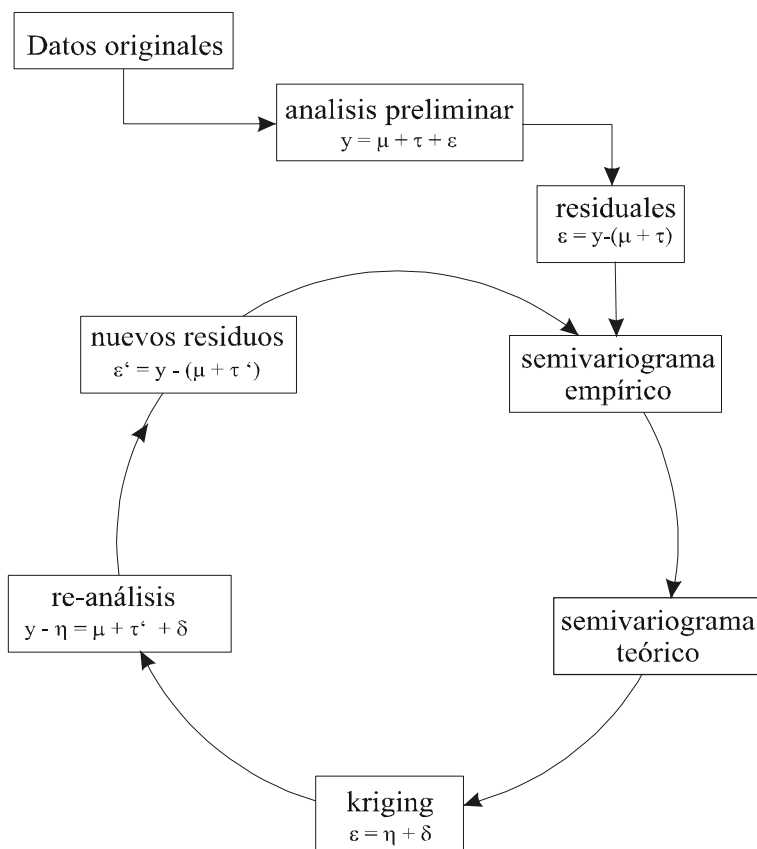
Si la autocorrelación espacial de los datos es cuantitativamente importante, la estimación los efectos del modelo original  $\tau_i$  puede estar sujeta a un importante sesgo, con lo que los residuos obtenidos mediante la ecuación 14.7 pueden no ser muy precisos. Los efectos del modelo estimados tras el ajuste espacial ( $\tau'_i$ , ecuación 14.10) se suponen mejores estimadores de los efectos reales, y pueden, por tanto, utilizarse para obtener unos nuevos residuos  $\varepsilon'_{ij}$  más depurados a partir de la variable original:

$$\varepsilon'_{ij} = Y_{ij} - \tau'_i \quad (14.11)$$

La estructura espacial de estos nuevos residuos se modeliza como se describió anteriormente, obteniéndose una nueva estimación kriging que se utiliza de nuevo para corregir la variable original. El proceso se repite de forma iterativa hasta la convergencia de la estimación de los efectos del modelo  $\tau_i$  (Fig. 14.13). En general, 5-6 pasos suelen ser suficientes.

El método ISA descrito puede considerarse como una extensión de los métodos de ajuste por el vecino más próximo, donde el número de vecinos considerados y el peso que se le da a cada uno de éstos en el ajuste se determinan de forma óptima a partir de la propia estructura espacial de los datos (Zas 2006b). El método kriging genera una estimación no sesgada de la estructura espacial de los datos, donde la predicción en cada punto se deriva de la información de todo el resto de observaciones, ajustando la capacidad predictora de cada punto en función de los parámetros del semivariograma teórico. Los valores kriging en la posición de cada unidad experimental pueden, por tanto, considerarse como unos estimadores fiables de la cantidad de la variable que se debe específicamente a la posición de dicha unidad.

El problema del método propuesto reside en la complejidad de cálculo, que requiere mucha capacidad computacional. Para bases de datos relativamente grandes (p. ej. más de 2000 datos), el análisis puede volverse excesivamente lento. Una solución es reducir el radio de búsqueda de puntos para la predicción kriging, realizando lo que se conoce como *local kriging*. En este caso el radio de búsqueda debe ser siempre superior al rango para aprovechar toda la información que proporciona el semivariograma, y no inferior al tamaño del bloque. Teniendo en cuenta que lo importante es modelizar la variación espacial a pequeña escala (heterogeneidad



**Figura 14.13.** Esquema del procedimiento iterativo ISA ("Iterative Spatial Analysis") para el análisis de variables espacialmente autocorrelacionadas.

intrabloque), y que la variación a escalas mayores puede absorberse añadiendo el término  $\beta_j$  en la ecuación 14.10, la reducción del radio en el método kriging no parece muy problemática. De hecho, los resultados obtenidos por el método ISA son prácticamente insensibles a modificaciones de este tipo (ver ejemplo en apartado 14.5.4).

### 14.4.3. Modelos con errores correlacionados

Los métodos de ajuste descritos hasta ahora corrigen las observaciones originales o añaden nuevos términos al modelo buscando eliminar o absorber la dependencia espacial de los datos. En todos ellos se asume que

los residuos finales, tras los oportunos ajustes, son espacialmente independientes. Sin embargo, también es posible recurrir a modelos que asumen una autocorrelación espacial en los errores. Estos modelos se fundamentan en los métodos de análisis de medidas repetidas donde las observaciones presentan una autocorrelación en el tiempo. De hecho, estos métodos, conocidos como modelos espaciales autorregresivos, pueden considerarse como una extensión a dos dimensiones de los modelos autorregresivos comúnmente utilizados en el análisis de series temporales (Cressie 1993, Lichstein *et al.* 2002).

Existen multitud de variantes, métodos y software para incorporar la autocorrelación espacial del error en los modelos estadísticos. Entre ellos, los dos modelos más básicos se conocen como modelos SAR (*simultaneous autoregressive models*) y modelos CAR (*conditional autoregressive models*) (Cressie 1993, Bailey y Gatrell 1995, Lichstein *et al.* 2002, Fortin y Dale 2005, Schabenberger y Gotway 2005). No entraré en los pormenores estadísticos de estos modelos, basados generalmente en métodos de máxima verosimilitud restringida (REML, *restricted maximum likelihood*), que se pueden consultar en las referencias aportadas. En general, en todas las variantes, es necesario especificar *a priori* la estructura espacial esperada del error. La más típica y utilizada es el modelo autorregresivo de primer orden comentado anteriormente, donde la autocorrelación espacial entre dos posiciones es  $\rho^{|i-j|}$ , siendo  $|i-j|$  la distancia que separa ambos puntos. Este modelo estándar, equivalente al modelo del semivariograma exponencial, puede considerarse isotrópico (misma correlación en todas direcciones) o anisotrópico (con distintas correlaciones para dos direcciones principales,  $\rho_x$  y  $\rho_y$ ; Costa-Silva *et al.* 2001, Dutkowski *et al.* 2002, Dutkowski *et al.* 2006). Este último caso es especialmente útil para modelizar la autocorrelación espacial en presencia de pendientes, corrientes o vientos predominantes en una determinada dirección.

Para definir la estructura espacial correctamente conviene, como ya se ha comentado, explorar el semivariograma residual. Una visión rápida de éste permite determinar el modelo que previsiblemente mejor se acomoda a la estructura espacial de los datos. Además, en muchos de los programas que permiten este tipo de análisis, especialmente aquellos basados en métodos REML, es preciso especificar valores iniciales para los parámetros a estimar (p. ej. Littell *et al.* 1996, Hong *et al.* 2005). Estos valores iniciales son necesarios para facilitar la convergencia y porque, en ocasiones, los



métodos REML pueden converger a máximos locales generando resultados erróneos (Saenz-Romero *et al.* 2001, Dutkowski *et al.* 2006).

La elección del modelo es un paso importante que puede tener repercusiones importantes en los resultados del análisis. Así, por ejemplo, Hong *et al.* (2005) analizando ensayos agronómicos, encuentran que la elección del modelo de estructura espacial (exponencial, esférico, gaussiano, con o sin nugget) altera notablemente el resultado del test de significación del tratamiento (fertilización nitrogenada), generando incluso distintas conclusiones. Estos mismos autores proponen un método sencillo para la elección del modelo basado en los estadísticos AIC (*Akaike information criteria*) y LRT (*likelihood ratio  $\chi^2$  test*) obtenidos del ajuste REML del modelo. Utilizando el segundo de ellos se puede incluso realizar un test de significación para valorar si añadiendo un parámetro más al modelo (p. ej. *nugget*) se mejora significativamente el ajuste (ver ejemplo en el apartado 14.5).

Otra consideración importante en los modelos autorregresivos es qué hacer con la estructura de bloques del diseño experimental (Azais *et al.* 1998). Los bloques suponen fronteras artificiales a una variación que se supone continua y suave. Cuando éstos se incluyen en el modelo se rompe la covariación natural entre los residuos de unidades experimentales vecinas de bloques distintos, lo que puede dificultar la modelización de la variación espacial residual. Por ejemplo, Hong *et al.* (2005) encuentran enormes diferencias entre los resultados del análisis con errores correlacionados cuando se considera o no la variación entre bloques y entre unidades experimentales (tratamiento x bloque) en el modelo (modelos CE, *correlated errors* vs. RCBC, *randomize complete block + correlated errors*). La solución a este interrogante depende, principalmente, de la escala del patrón espacial en relación al tamaño de los bloques. Cuando la estructura espacial tiene un componente a escala grande, difícil de modelizar con los modelos autorregresivos, es conveniente incorporar la estructura de bloques en el modelo. Si, por el contrario, la estructura espacial se presenta sólo a pequeña escala, puede ser preferible obviar los bloques.

Otra solución apuntada por varios autores, es combinar distintas técnicas para modelizar los patrones a distintas escalas. Así, las técnicas de análisis de tendencia se pueden combinar con los métodos de errores correlacionados para modelizar el patrón a escalas grandes y pequeñas, respectivamente (p. ej. Lichstein *et al.* 2002). Otra aproximación es realizar la modelización en

dos pasos, ajustando primero los datos según los posibles gradientes o tendencias a larga escala (obteniéndose los *detrended residuals*), para después modelizar la estructura espacial a pequeña escala mediante los modelos de errores correlacionados o métodos tipo NN (Fu *et al.* 1999b, Saenz-Romero *et al.* 2001, Joyce *et al.* 2002). Sin embargo, en general estos métodos combinados no son necesarios y aportan poca o ninguna mejoría (Costa-Silva *et al.* 2001, Dutkowski *et al.* 2002, Dutkowski *et al.* 2006). Además, cuanto más se complica el modelo más difícil es la convergencia del método REML (Dutkowski *et al.* 2006), y, en cualquier caso, la variación a larga escala es en general fácilmente absorbida por la estructura de bloques.

Son muchos los estudios que demuestran las ventajas del uso de modelos con errores correlacionados en presencia de autocorrelación espacial. De hecho, este tipo de modelos se empiezan a usar de forma rutinaria en ensayos agronómicos (Singh *et al.* 2003, Qiao *et al.* 2004, Yang *et al.* 2004, Hong *et al.* 2005) e, incluso, en ensayos genéticos forestales (Costa-Silva *et al.* 2001, Saenz-Romero *et al.* 2001, Dutkowski *et al.* 2002, Dutkowski *et al.* 2006). Además, en general, estos métodos se comportan mejor que los métodos de ajuste descritos anteriormente como el análisis de tendencia de superficie o el método del vecino más próximo (Zimmerman y Harville 1991, Stroup *et al.* 1994, Brownie y Gumpertz 1997, Ver-Hoef y Cressie 2001, Schabenberger y Gotway 2005).

Los métodos de errores correlacionados se pueden implementar en muchos paquetes estadísticos convencionales, entre los que cabe destacar el procedimiento MIXED del SAS (Littell *et al.* 1996, Hong *et al.* 2005), cuyo uso se explica con más detalle en el apartado 14.5, SPLUS (Kaluzny *et al.* 1998, Lichstein *et al.* 2002), R (Ribeiro y Diggle 2001), SAM (Rangel *et al.* 2006), o ASREML (Gilmour *et al.* 1999).

#### **14.4.4. Otros métodos disponibles**

Además de los métodos expuestos, existen muchos otros para abordar el análisis de datos espacialmente correlacionados. La complejidad estadística de éstos, su escasa difusión en ecología y las dificultades para su implementación en los paquetes estadísticos convencionales, hace que su discusión quede fuera de los objetivos del presente capítulo, por lo que me

limitaré simplemente a mencionarlos, aportando las referencias oportunas, para que el lector interesado pueda profundizar en ellos.

Fortin y Dale (2005) describen el uso de métodos robustos y de técnicas de aleatorización restringida para el análisis de variables espacialmente autocorrelacionadas. El método consiste en generar una distribución de referencia a partir de aleatorizaciones espacialmente restringidas de los datos, contra la que se puede contrastar el estadístico en cuestión calculado a partir de los datos originales. El uso de técnicas de simulación de Monte Carlo para generar datos artificiales con los que comparar los datos originales también puede ser de utilidad para solventar el problema de la autocorrelación espacial.

En general, todos los métodos discutidos en el presente capítulo son válidos para el análisis de variables continuas que siguen una distribución normal o próxima a ella. Sin embargo, la autocorrelación espacial no se limita a este tipo de variables sino que también puede afectar a variables de tipo discreto con distribuciones tipo Poisson o binomial. La dispersión agregada de las plantas muertas en un ensayo a causa de una determinada patología es un claro ejemplo (p. ej. Zas *et al.* 2007). En estos casos, también existen herramientas para ajustar o modelizar los datos según la autocorrelación espacial que presentan. Al igual que en el caso de los modelos de errores correlacionados, en los modelos lineales generalizados (GLM *generalized linear models*) también es posible incorporar la estructura espacial de los errores en los modelos (Schabenberger y Gotway 2005). Por ejemplo, en las últimas versiones SAS, el procedimiento GLINMIX permite ajustar modelos espaciales a datos no normales (p. ej. binarios, binomiales, distribución de Poisson, etc.) que presentan autocorrelación y varianzas heterogéneas (SAS Institute 2005). El paquete geoRglm para R también permite el ajuste de modelos lineales generalizados con estructura espacial (Christensen y Ribeiro 2002).

El test de Mantel y el test parcial de Mantel (ver Capítulo 8) son otras herramientas que pueden utilizarse para distinguir los efectos de los tratamientos de los de la autocorrelación espacial en un experimento diseñado. La ventaja de estos métodos reside en su versatilidad, ya que son métodos no paramétricos que parten de pocas suposiciones (Fortin y Gurevitch 2001).

Por último, Schabenberger y Gotway (2005) muestran la utilidad de la estadística bayesiana y algunos otros métodos no paramétricos en el contexto del análisis de variables espacialmente correlacionadas.

## 14.5. CASO PRÁCTICO

El ejemplo de la Figura 14.12 sirve para ilustrar el uso de alguno de los métodos expuestos en el apartado anterior. El experimento se trata de un ensayo de progenie de *Pinus pinaster* donde se evalúan 78 familias de polinización abierta procedentes de otros tantos árboles *plus* seleccionados en las masas forestales de la zona costera de Galicia por su buen crecimiento, forma del fuste, escasa ramosidad y buen estado sanitario. El experimento sigue un diseño de bloques completos al azar con 10 bloques y unidades experimentales de cinco árboles en línea. Cada bloque contiene, por tanto,  $78 \times 5 = 390$  plantas que, con un marco de plantación de  $3 \times 3$  m, ocupan una superficie de entre 3500 y 4000 m<sup>2</sup>. El gran tamaño de los bloques y la irregularidad del terreno forestal donde se estableció el ensayo conlleva a una fuerte autocorrelación espacial en el desarrollo de los árboles, y los bloques del diseño son claramente heterogéneos (Fig. 14.12). El ensayo forma parte de una red de ensayos de progenie destinados a i) contrastar la superioridad de los árboles seleccionados mediante la evaluación de su progenie, ii) determinar el grado de control genético de distintos caracteres y las posibilidades de mejorar éstos mediante selección y cruzamiento, y iii) seleccionar nuevos árboles superiores para generar una nueva población de mejora de segunda generación. Una descripción más detallada de estos ensayos puede consultarse en Zas *et al.* (2004) y Zas (2006b).

A continuación presentaremos los resultados del análisis de la altura a los ocho años de edad, una de las variables utilizadas rutinariamente en los procesos de selección. Para facilitar el entendimiento y simplificar los análisis, la variable a considerar será la altura media de cada unidad experimental (*plot means*). Los datos de este ejemplo se adjuntan en el CD que acompaña a este libro (carpeta “Capítulo 14”, archivo “DatosCapitulo14.csv”).

Todos los análisis, tanto convencionales como espaciales, se han realizado con el paquete estadístico SAS (SAS Institute 1999). Los análisis se realizan utilizando un modelo mixto, con el factor familia considerado como fijo y los bloques considerados como un factor aleatorio (Littell *et al.* 1996). El análisis de este modelo mixto se realiza con el procedimiento PROC MIXED del SAS, el cual permite, a su vez, definir modelos con errores correlacionados. El procedimiento utiliza la metodología REML para la estimación de varianzas y para el ajuste de la estructura espacial del error. Los códigos de todos los programas SAS desarrollados para aplicar los distintos métodos se adjuntan en el CD de material suplementario (carpeta “Capítulo 14”).

### 14.5.1. Análisis convencional

El análisis convencional de los datos asumiendo un diseño CA y el diseño de BCA se muestra en la Tabla 14.2. Comparando ambos modelos se comprueba la efectividad de la estructura de bloques, que absorbe alrededor del 45% de la variación residual. Fruto de esta reducción de la variación residual, el análisis BCA es capaz de detectar diferencias significativas entre las familias, mientras que éstas no se detectan en el diseño CA. La variación entre bloques supone un aumento de la variación entre las unidades experimentales de cada familia en los distintos bloques. Así, al eliminar esta variación en el diseño de BCA, el error estándar de la estimación de los efectos familiares disminuye notablemente. Consecuentemente, el número de familias significativamente superiores a la familia  $F_0$ , considerada como control, asciende de tan sólo una en el modelo CA a siete en el modelo BCA (Tabla 14.2).

**Tabla 14.2.** Resultado del análisis del modelo mixto asumiendo un diseño completamente aleatorizado (CA) y el diseño de bloques completos al azar (BCA).

|   | CA       | BCA      |
|---|----------|----------|
| <b>Estadísticos de ajuste</b>               |          |          |
| Residual log likelihood (-2L)               | 8411     | 8030     |
| Akaike Information Criteria (AIC)           | 8413     | 8034     |
| <b>Test de inferencia de efectos fijos</b>  |          |          |
| F ratio                                     | 0,88 ns  | 1,59 **  |
| <b>Componentes de la varianza</b>           |          |          |
| Bloques                                     |          | 4012 *** |
| Residual                                    | 8891 *** | 4854 *** |
| <b>Efectos principales</b>                  |          |          |
| Error estándar del contraste entre familias | 42,5     | 31,4     |
| Nº familias superiores al testigo           | 1        | 7        |

Niveles de significación: \*:  $p < 0,05$ ; \*\*:  $p < 0,01$ ; \*\*\*:  $p < 0,001$ ; ns: no significativo.

Otra forma de comprobar la mayor eficiencia del diseño de BCA es fijándonos en los estadísticos del ajuste de los modelos mixtos (Littell *et al.* 1996). Entre ellos, el *residual log likelihood* ( $L$ ) y el *Akaike information criteria* (AIC) son los más utilizados (Hong *et al.* 2005). Estos estadísticos aportan información sobre la bondad del ajuste del modelo, siendo ésta mayor cuanto menor sea el valor de los estadísticos. En el caso que nos ocupa, los valores mostrados en la Tabla 14.2 indican claramente el mejor ajuste del modelo BCA. El estadístico  $L$  permite, además, la comparación estadística de modelos anidados, i.e. modelos con la misma estructura de efectos fijos y que sólo difieren en un efecto aleatorio que se incluye en uno de ellos y en el otro no. Los dos modelos CA y BCA son modelos anidados ya que sólo se diferencian en que BCA incluye el efecto aleatorio del bloque y CA no. La diferencia,

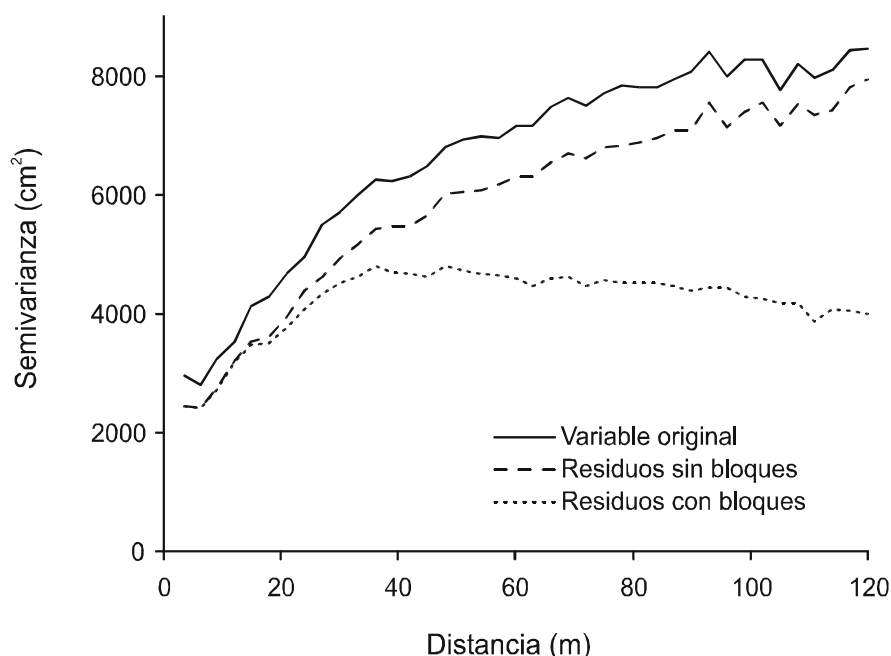
$$\lambda = 2(L_2 - L_1) \quad (14.12)$$

donde  $L_1$  y  $L_2$  son los *residual log likelihood* del modelo reducido y del modelo completo respectivamente, sigue aproximadamente una distribución  $\chi^2$  con un grado de libertad (Littell *et al.* 1996). Utilizando este estadístico  $\lambda$  se puede realizar un test para contrastar la hipótesis de si se mejora o no el ajuste al añadir un parámetro, test conocido habitualmente como *LRT* (*likelihood ratio test*). Por ejemplo, de la comparación de los diseños CA y BCA (Tabla 14.2) se desprende:

$$\lambda = 2L_2 - 2L_1 = -8030 + 8411 = 392 \quad (14.13)$$

El valor de probabilidad asociado a  $\chi^2_{1} = 392$  es claramente menor que 0,001 por lo que rechazaríamos la hipótesis de igualdad del ajuste y concluiríamos, como era esperable, que el diseño BCA mejora *significativamente* el ajuste del modelo.

El siguiente paso consistiría en comprobar si se cumplen los requisitos o supuestos del modelo ajustado, i.e. normalidad de los residuos, homogeneidad de la varianza e independencia de las observaciones. La exploración gráfica de los residuos, así como los oportunos tests estadísticos, indican el cumplimiento de los dos primeros supuestos (datos no presentados). Sin embargo, los semivariogramas de los residuos de ambos modelos (Fig. 14.14, Tabla 14.3), con una semivarianza que disminuye a



**Figura 14.14.** Semivariogramas empíricos para la variable original, los residuos tras el ajuste del efecto fijo de la familia (sin estructura de bloques), y los residuos del diseño de BCA (con ajuste del efecto fijo de la familia y el efecto aleatorio de los bloques).

distancias cortas, indican claramente una importante dependencia espacial de las observaciones, que puede estar condicionando los resultados del análisis. A juzgar por los parámetros obtenidos de los modelos teóricos ajustados a estos semivariogramas, la intensidad del patrón espacial es muy fuerte, ya que entre el 58 y 78% de la variación residual se explica por la dependencia espacial (Tabla 14.3).

La comparación de los semivariogramas representados en la Figura 14.14 permite entender mejor la estructura de los datos y su efecto en el análisis. Por un lado, el semivariograma de los residuos del modelo CA resulta ligeramente inferior al de las observaciones originales, indicando que el efecto fijo de la familia absorbe parte de la variación espacial de la variable original o, en otras palabras, que la variación entre familias se confunde en cierta medida con la heterogeneidad espacial en la parcela. Por otra parte, la asíntota del semivariograma de los residuos del modelo BCA es claramente menor que la de los residuos del modelo CA, indicando que la estructura de bloques absorbe buena parte de la variación espacial a mayor escala. Sin em-

**Tabla 14.3.** Ajuste y parámetros del modelo esférico y exponencial para el semivariograma teórico de las observaciones originales, los residuos del modelo completamente aleatorizado (CA), y los residuos del diseño de bloques completos al azar (BCA).

| Variable original                                   | Ajuste <sup>1</sup> |                     | Parámetros <sup>2</sup>              |                                      |                       |  |
|---|---------------------|---------------------|--------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------|--|
|   | R <sup>2</sup>      | F <sub>(3,37)</sub> | c <sub>0</sub><br>(cm <sup>2</sup> ) | c <sub>n</sub><br>(cm <sup>2</sup> ) | a <sub>0</sub><br>(m) | Intensidad<br>c <sub>0</sub> /(c <sub>0</sub> +c <sub>n</sub> )<br>(%) |
| <b>Residuos sin estructura bloques (modelo CA)</b>  |                     |                     |                                      |                                      |                       |  |
| Esférico  | 0,979               | 871,0               | 5391,5                               | 2671,7                               | 87,2                  | 66,9   |
| Exponencial   | 0,990               | 1775,1              | 6651,1                               | 1948,8                               | 38,1                  | 77,3   |
| <b>Residuos con estructura bloques (modelo BCA)</b> |                     |                     |                                      |                                      |                       |  |
| Esférico  | 0,976               | 766,6               | 5017,7                               | 2367,0                               | 98,4                  | 67,9   |
| Exponencial   | 0,991               | 2115,1              | 6320,7                               | 1762,1                               | 46,2                  | 78,2   |
| <b>Residuos con estructura bloques (modelo BCA)</b> |                     |                     |                                      |                                      |                       |  |
| Esférico  | 0,868               | 121,6               | 2586,3                               | 1868,8                               | 35,8                  | 58,1   |
| Exponencial   | 0,816               | 82,3                | 3352,0                               | 1110,4                               | 11,0                  | 75,1   |

<sup>1</sup> R<sup>2</sup> y F<sub>(3,37)</sub> son el coeficiente determinación y el F-ratio de la regresión no lineal.

<sup>2</sup> c<sub>0</sub>: sill parcial o varianza del parche; c<sub>n</sub>: nugget; a<sub>0</sub>: rango.



bargo, a distancias cortas estos residuos siguen mostrando una clara dependencia espacial. El rango del semivariograma de los residuos del modelo BCA (Tabla 14.3) es claramente inferior al tamaño de los bloques, por lo que éstos resultan internamente heterogéneos (ver Fig. 14.12).

Como ya se ha comentado, aunque la estructura de bloques del diseño experimental es capaz de absorber una parte importante de la heterogeneidad espacial, los bloques resultan demasiado grandes y son internamente heterogéneos. La dependencia de las observaciones dentro de los bloques invalida las conclusiones del análisis y es preciso recurrir a alguna de las técnicas de ajuste expuestas en el apartado anterior. En concreto, utilizaremos una variante del método de Papadakis de ajuste por el vecino más próximo, distintos modelos de errores correlacionados implementados usando el PROC MIXED de SAS (Littell *et al.* 1996) y el método de ajuste ISA (Zas 2006b).

#### 14.5.2. Ajuste por el vecino más próximo

El método expuesto en el apartado 14.4.2 es una de las versiones más sencillas de la familia de métodos de ajuste por el vecino más próximo, que requiere una disposición de las unidades experimentales (u.e.) en una malla rectangular filas-columnas. En nuestro caso, la distribución de las u.e. se aleja de esta situación (ver Fig. 14.12a), por lo que es necesario modificar ligeramente el método de ajuste. Así, para el cálculo de la covariable en nuestro ejemplo, en vez de utilizar los 4 vecinos más próximos, utilizaremos aquellas u.e. que caen dentro de un círculo de radio  $r = 10$  m. Con este radio, el número promedio de vecinos considerados es de aproximadamente cinco, aunque llega a 10 en algunas unidades experimentales. Con el fin de dar más peso a los vecinos más próximos que a los más alejados dentro de este círculo de influencia, el cálculo de la covariable se realiza como la media ponderada a la inversa de la distancia. El código SAS correspondiente se adjunta como Material Suplementario (carpeta “Capítulo 14”, archivo “Ajuste NN por radio influencia.sas”).

Los resultados de este método se muestran en la Tabla 14.4. La covariable resultó altamente significativa, y absorbió un gran porcentaje de la varianza residual, que descendió de  $4854 \text{ cm}^2$  en el modelo de BCA convencional a  $2988 \text{ cm}^2$ . La reducción de la varianza entre bloques hasta

**Tabla 14.4.** Resultados del análisis del modelo mixto utilizando el método de Papadakis de ajuste por el vecino más próximo (NN), y distintos modelos de errores correlacionados (CE) con o sin estructura de bloques.

|  | Papadakis       | Errores correlacionados <sup>2</sup> |         |             |             |
|--|-----------------|--------------------------------------|---------|-------------|-------------|
|  |                 | sin bloques                          |         | con bloques |             |
|  |                 | CE(sph)                              | CE(exp) | BCACE (sph) | BCACE (exp) |
| Estadísticos de ajuste                           | NN <sup>1</sup> |                                      |         |             |             |
| Residual log likelihood (-2L)                    | 7658            | 7733                                 | 7733    | 7733        | 7732        |
| Akaike Information Criteria (AIC)                | 7660            | 7739                                 | 7739    | 7741        | 7740        |
| Test de inferencia efectos fijos                 |                 |                                      |         |             |             |
| F (familias)                                     | 2,26            | 2,34                                 | 2,39    | 2,37        | 2,39        |
| F (covariable)                                   | 1367            |                                      |         |             |             |
| Componentes de la varianza                       |                 |                                      |         |             |             |
| Rango (a <sub>0</sub> , m)                       |                 | 96,1                                 | 47,7    | 95,6        | 42,5        |
| Sill parcial (c <sub>0</sub> , cm <sup>2</sup> ) |                 | 9278                                 | 8006    | 8973        | 7051        |
| Nugget (c <sub>N</sub> , cm <sup>2</sup> )       |                 | 1656                                 | 1557    | 1669        | 1559        |
| Bloques (cm <sup>2</sup> )                       | 0               |                                      |         | 278         | 439         |
| Residual (cm <sup>2</sup> )                      | 2982            |                                      |         |             |             |
| Efectos principales                              |                 |                                      |         |             |             |
| Error estándar del contraste                     | 24,7            | 23,5                                 | 23,5    | 23,4        | 23,5        |
| Nº familias superiores al testigo                | 28              | 26                                   | 28      | 26          | 27          |

<sup>1</sup> NN: ajuste por el vecino más próximo (*Nearest Neighbour method*)

<sup>2</sup> CE(sph) y CE(exp) indican los modelos de errores correlacionados asumiendo estructuras espaciales de tipo esférico o exponencial, respectivamente, sin considerar la estructura de bloques. Estos mismos modelos pero considerando la estructura de bloques se denotan por BCACE(sph) y BCACE(exp), respectivamente.

anularse indica que el ajuste de la covariable alcanzó una escala relativamente grande, homogeneizando la variación entre bloques. Como consecuencia de la menor varianza residual, el ratio  $F$  para testar las diferencias entre familias aumentó sensiblemente. El ajuste de la covariable también homogenizó los valores de una misma familia en los distintos bloques, reduciendo notablemente el error estándar del contraste entre familias. Esta reducción se refleja en el número de familias significativamente superiores al control  $F0$ , que pasa de siete en el modelo BCA a 28.

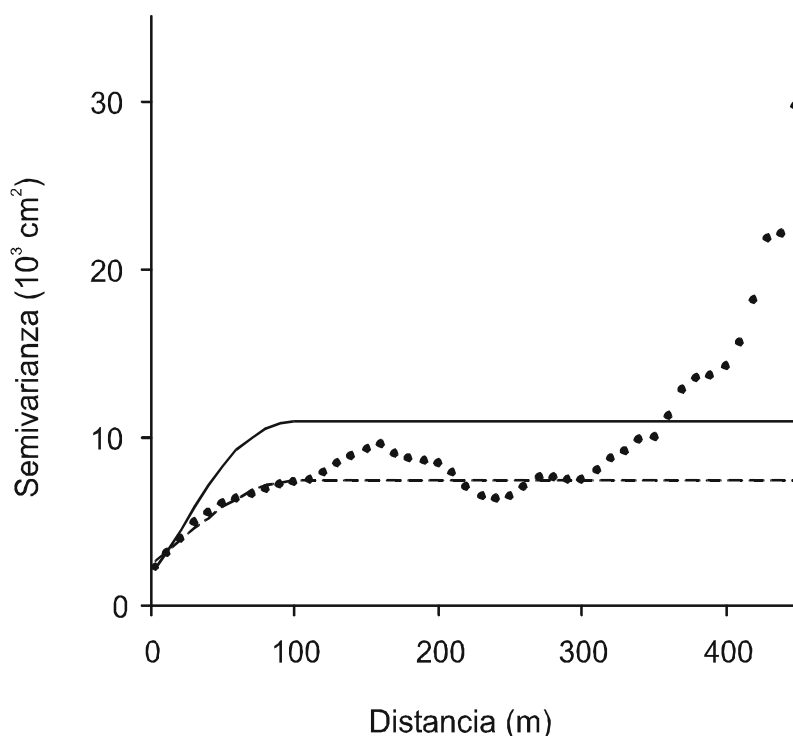
Es importante resaltar que, en este caso, al incorporar un efecto fijo nuevo en el modelo (la covariable), los estadísticos de ajuste  $L$  y  $AIC$  no permiten comparar la bondad del ajuste con la obtenida con los modelos anteriores.

### 14.5.3. Errores correlacionados

Tal como se comentó en el apartado 14.4.3, el procedimiento MIXED de SAS permite definir distintas estructuras de autocorrelación, entre las que se encuentran modelos espaciales como el esférico o el exponencial (Littell *et al.* 1996). Estas estructuras se especifican en el comando REPEATED, siendo siempre conveniente definir unos valores iniciales mediante el comando PARMS, que pueden obtenerse fácilmente del ajuste del modelo correspondiente a los semivariogramas residuales (Tabla 14.3). La definición de parámetros iniciales (rango, sill parcial y nugget) no sólo reduce el tiempo de computación necesario, sino que también facilita la convergencia del método REML y evita que ésta se produzca en falsos máximos (Saenz-Romero *et al.* 2001, Hong *et al.* 2005). A su vez, considerando las grandes diferencias entre el semivariograma residual correspondiente al modelo CA y BCA (Fig. 14.14), es previsible que el ajuste de un modelo de errores correlacionados varíe según se considere o no la estructura en bloques del diseño experimental (Azais *et al.* 1998, Hong *et al.* 2005). De esta manera se han probado cuatro variantes de modelos con errores correlacionados, que difieren entre sí en la consideración o no de los bloques (modelos BCA+CE y CE, respectivamente) y en el modelo de estructura espacial considerado (esférico [sph] o exponencial [exp]; ver carpeta “Capítulo 14”, archivo “ModelosCE.sas” en el CD adjunto). El modelo exponencial parece más eficiente para absorber la variación a larga escala y muestra un mejor ajuste para el semivariograma de los residuos

del modelo CA (Tabla 14.3). Por el contrario, en el caso de un diseño BCA, la variación a larga escala es absorbida por la estructura de bloques, y el modelo esférico se ajusta mejor al semivariograma residual.

A pesar de las diferencias en los semivariogramas, los resultados de estas cuatro variantes son muy parecidos (Tabla 14.4). Los estadísticos de ajuste son prácticamente iguales y las diferencias en el ratio F y en el error estándar del contraste de familias y del número de familias significativamente distintas al control son mínimas. Por otra parte, los estadísticos  $L$  y  $AIC$  indican que cualquiera de estos modelos se ajusta claramente mejor que el modelo BCA. Aunque la comparación con el método NN no es posible por que éste tiene distintos efectos fijos, el menor error estándar de los contrastes entre familias y el mayor ratio F para el test de inferencia sugieren que los modelos de errores correlacionados son preferibles.



**Figura 14.15.** Semivariograma observado (puntos) de los residuos tras el ajuste del efecto fijo de la familia, para todo el rango de distancias posibles en la parcela. Se presentan además el modelo esférico estimado por el procedimiento REML (línea continua) y el estimado externamente para un rango de distancia menor (línea discontinua, Figura 14.14).

Para cada uno de los cuatro modelos ajustados, el método REML estima los distintos componentes de la estructura espacial, i.e. el rango, sill parcial y nugget (Tabla 14.4). Tal como apuntan Littell *et al.* (1996), la falta de correspondencia de estas estimaciones REML con las estimadas externamente a partir de los semivariogramas residuales (Tabla 14.3) es muy notable. Esto es debido a que el método REML utiliza todo el rango de distancias posibles para estimar la estructura espacial. El problema reside en que el número de pares de puntos decae bruscamente a partir de una determinada distancia, especialmente si la forma del ensayo es irregular como en el presente ejemplo (Fig. 14.12). Con un número de pares de puntos mucho menor, la precisión en la estimación de la semivarianza disminuye notablemente y el semivariograma se vuelve más anárquico (Fig. 14.15). En nuestro ejemplo, el resultado es un *sill* mucho mayor, que conlleva una peor modelización de la estructura espacial a distancias cortas, que es precisamente donde el problema de la autocorrelación espacial cobra más relevancia. Por este motivo, Littell *et al.* (1996) recomiendan ajustar externamente el semivariograma residual y utilizar los parámetros del ajuste para fijar la estructura en el procedimiento MIXED. Esto se realiza utilizando las opciones NOITER o HOLD en el comando PARMS (ver el archivo “ModelosCE.sas”, carpeta “Capítulo 14”, en el CD adjunto).

En la Tabla 14.5 se muestran los resultados de los cuatro modelos de errores correlacionados anteriores pero fijando ahora la estructura espacial según los parámetros obtenidos en el ajuste de los semivariogramas residuales (Tabla 14.3). Aunque los estadísticos de ajuste no denotan mejora respecto a los anteriores, los parámetros de la estructura espacial son ahora más coherentes y los resultados, por tanto, más fiables. Entre los cuatro modelos se observan ahora ciertas diferencias que conviene discutir. Considerar la estructura de bloques genera valores de  $-2L$  más pequeños cuando se define un modelo esférico pero no con un modelo exponencial, indicando un mejor ajuste en el primer caso pero no en el segundo. Para el modelo esférico, la mejora del ajuste es estadísticamente significativa ( $\lambda = -7741 + 7754 = 13$ ,  $p = 0,0003$ ). Como ya se comentó antes, el modelo exponencial se ajusta mejor a los residuos del diseño CA porque es capaz de modelizar mejor la variación espacial a escala mayor (Zas 2006b). Sin embargo, cuando se considera el diseño BCA, esta variación a larga escala es absorbida por la estructura de bloques y el modelo esférico se comporta mejor. En cualquier caso, el modelo CE(exp) muestra los valores más bajos de  $L$  y  $AIC$ , siendo, por tanto, el modelo preferido.

**Tabla 14.5.** Resultados del análisis del modelo mixto asumiendo distintos modelos de errores correlacionados con o sin estructura de bloques, predefiniendo la estructura espacial del error según los parámetros del correspondiente semivariograma residual.

|  | Errores correlacionados <sup>1</sup> |         |             |             |
|--|--------------------------------------|---------|-------------|-------------|
|  | sin bloques                          |         | con bloques |             |
|  | CE(sph)                              | CE(exp) | BCACE (sph) | BCACE (exp) |
| <b>Estadísticos de ajuste</b>            |                                      |         |             |             |
| Residual log likelihood (-2L)            | 7754                                 | 7736    | 7741        | 7752        |
| Akaike Information Criteria (AIC)        | 7754                                 | 7736    | 7743        | 7754        |
| <b>Test de inferencia efectos fijos</b>  |                                      |         |             |             |
| F (familias)                             | 2,07                                 | 2,34    | 2,31        | 2,40        |
| <b>Componentes de la varianza</b>        |                                      |         |             |             |
| Rango ( $a_0$ , m)                       | 98,4                                 | 46,2    | 35,8        | 11,0        |
| Sill parcial ( $c_0$ , cm <sup>2</sup> ) | 5018                                 | 6321    | 2586        | 3352        |
| Nugget ( $c_n$ , cm <sup>2</sup> )       | 2367                                 | 1762    | 1869        | 1110        |
| Bloques (cm <sup>2</sup> )               |                                      |         | 3077        | 3042        |
| <b>Efectos principales</b>               |                                      |         |             |             |
| Error estándar del contraste             | 25,0                                 | 23,6    | 23,7        | 23,7        |
| Nº familias superiores al testigo        | 24                                   | 23      | 26          | 30          |

<sup>1</sup> CE(sph) y CE(exp) indican los modelos de errores correlacionados sin considerar la estructura de bloques predefiniendo estructuras espaciales de tipo esférico o exponencial, respectivamente. Estos mismos modelos pero considerando la estructura de bloques se denotan por BCACE(sph) y BCACE(exp), respectivamente.

#### 14.5.4. Ajuste espacial iterativo (ISA)

El último procedimiento de ajuste espacial aplicado a los datos de este ejemplo es el método ISA (Zas 2006b) descrito en el apartado 14.4.2.3. Al igual que en el caso de los modelos de errores correlacionados, este método puede aplicarse sobre una base CA o sobre el diseño BCA. De acuerdo con los resultados anteriores, en el primer caso se utilizó un modelo de se-

mivariograma exponencial mientras que en el segundo se utilizó un modelo esférico. Los códigos SAS correspondientes de ambos modelos se adjuntan comentados en el Material Suplementario (carpeta “Capítulo 14”, archivos “ModeloISA.sas” y “ModeloISABCA.sas”).

Los resultados se muestran en la Tabla 14.6. Los valores de los estadísticos de ajuste son notablemente más bajos que los obtenidos por otros métodos, sugiriendo un mejor ajuste del método ISA. Sin embargo, este método analiza una variable corregida, distinta a la variable original, y por tanto la comparación en base a estos estadísticos no es correcta. En cualquier caso, el método ISA, en cualquiera de sus dos variantes, resulta muy efectivo y elimina una gran cantidad de covariación espacial. Comparando con los otros métodos de análisis considerados, los F ratio son notablemente superiores, los errores estándar promedio del contraste de familias claramente inferiores, y el número de familias significativamente superiores al control mucho mayor.

**Tabla 14.6.** Resultados del análisis espacial iterativo ISA considerando o no la estructura de bloques. En el primer caso (BCA-ISA(sph)) se utiliza un modelo espacial esférico y en el segundo (ISA(exp)) se utiliza un modelo exponencial.

|   | ISA(exp) | BCA-ISA(sph) |
|---|----------|--------------|
| <b>Estadísticos de ajuste</b>           |          |              |
| Residual log likelihood (-2L)           | 6656     | 6967         |
| Akaike Information Criteria (AIC)       | 6658     | 6971         |
| <b>Test de inferencia efectos fijos</b> |          |              |
| F ratio                                 | 9,3      | 6,2          |
| <b>Componentes de la varianza</b>       |          |              |
| Covarianza eliminada por ISA            | 7500     | 4206         |
| Bloques                                 |          | 3325         |
| Residual                                | 700      | 1022         |
| <b>Efectos principales</b>              |          |              |
| Error estándar del contraste            | 14,6     | 14,5         |
| Nº familias superiores al testigo       | 55       | 47           |

Entre las dos variantes consideradas es preferible utilizar un modelo de estructura espacial exponencial y obviar la estructura de bloques. El modelo exponencial también resulta el más apropiado cuando el análisis se realiza sobre los datos originales en vez de sobre las medias de las u.e. (Zas 2006b).

El método ISA es un método intuitivo y laborioso que tiende a realizar ajustes más severos que los otros métodos, especialmente cuando la estructura espacial es muy intensa, como en el presente ejemplo. Tal como se muestra en el ejemplo expuesto los resultados pueden ser notablemente diferentes. Desafortunadamente, utilizando datos reales es imposible decidir qué método es el que más se aproxima a la realidad ya que ésta es desconocida. Es preciso, por tanto, evaluar y comparar los distintos métodos utilizando datos simulados donde se conoce la variación familiar real.

Uno de los inconvenientes del método ISA es el tiempo de análisis necesario para la estimación kriging que puede ser muy elevado si el número de datos es grande. Además, con estructuras espaciales intensas, son necesarias muchas iteraciones para alcanzar la convergencia ( $>10$ ). Una posible solución que altera muy poco los resultados es recurrir a un kriging local que limita el radio de acción utilizado en la interpolación a el rango del semivariograma. A distancias mayores que el rango la dependencia espacial es mínima o nula, por lo que el aporte de las observaciones alejadas en las estimaciones kriging es muy pequeño. El método ISA utiliza las estimaciones kriging para corregir los valores de cada u.e. Otra posibilidad sería utilizar los valores kriging como una covariable tal como considera en el método NN. Los resultados utilizando la estimación kriging como covariable (datos no presentados) son muy similares a los presentados en la Tabla 14.6 en el caso del análisis sin bloques, pero en el caso del análisis con bloques el método no converge.

Por último, la Tabla 14.7 muestra la relación entre las estimaciones de los efectos familiares con los distintos métodos de análisis. Todos los métodos de errores correlacionados y las dos variantes de ISA arrojan resultados prácticamente equivalentes, con coeficientes de regresión  $r^2$  siempre mayores de 0,98. Las estimaciones de los efectos principales se ven, por tanto, poco afectadas por el método de ajuste utilizado. Por el contrario la relación de los métodos espaciales con los métodos convencionales (CA y BCA) es claramente menor, resaltando la necesidad de considerar la autocorrelación espacial en el análisis.



**Tabla 14.7.** Coeficientes de regresión ( $r^2$ ) entre las estimaciones de los efectos familiares (LS-MEANS) según los distintos modelos considerados.

|                         | CA   | BCA  | NN   | CE(SPH) <sup>1</sup> | CE(EXP) <sup>1</sup> | BCACE(SPH) <sup>1</sup> | BCACE(EXP) <sup>1</sup> | CE(SPH) <sup>2</sup> | CE(EXP) <sup>2</sup> | BCACE(SPH) <sup>2</sup> | BCACE(EXP) <sup>2</sup> | ISA  | ISA + BCA |
|-------------------------|------|------|------|----------------------|----------------------|-------------------------|-------------------------|----------------------|----------------------|-------------------------|-------------------------|------|-----------|
| CA                      | 1,00 | 0,99 | 0,72 | 0,75                 | 0,75                 | 0,74                    | 0,74                    | 0,78                 | 0,79                 | 0,76                    | 0,76                    | 0,69 | 0,75      |
| BCA                     |      | 1,00 | 0,73 | 0,77                 | 0,76                 | 0,76                    | 0,75                    | 0,79                 | 0,80                 | 0,77                    | 0,77                    | 0,70 | 0,76      |
| NN                      |      |      | 1,00 | 0,95                 | 0,96                 | 0,95                    | 0,96                    | 0,95                 | 0,93                 | 0,95                    | 0,96                    | 0,93 | 0,95      |
| CE(sph) <sup>1</sup>    |      |      |      | 1,00                 | 1,00                 | 1,00                    | 1,00                    | 0,99                 | 0,99                 | 1,00                    | 0,99                    | 0,99 | 1,00      |
| CE(exp) <sup>1</sup>    |      |      |      |                      | 1,00                 | 1,00                    | 1,00                    | 0,99                 | 0,98                 | 1,00                    | 0,99                    | 0,98 | 1,00      |
| BCACE(sph) <sup>1</sup> |      |      |      |                      |                      | 1,00                    | 1,00                    | 0,99                 | 0,99                 | 1,00                    | 0,99                    | 0,99 | 1,00      |
| BCACE(exp) <sup>1</sup> |      |      |      |                      |                      |                         | 1,00                    | 0,99                 | 0,98                 | 1,00                    | 0,99                    | 0,99 | 1,00      |
| CE(sph) <sup>2</sup>    |      |      |      |                      |                      |                         |                         | 1,00                 | 0,98                 | 0,99                    | 0,99                    | 0,97 | 0,99      |
| CE(exp) <sup>2</sup>    |      |      |      |                      |                      |                         |                         |                      |                      | 0,99                    | 0,97                    | 0,98 | 0,98      |
| BCACE(sph) <sup>2</sup> |      |      |      |                      |                      |                         |                         |                      |                      | 1,00                    | 0,99                    | 0,99 | 1,00      |
| BCACE(exp) <sup>2</sup> |      |      |      |                      |                      |                         |                         |                      |                      |                         | 1,00                    | 0,97 | 0,99      |
| ISA(exp)                |      |      |      |                      |                      |                         |                         |                      |                      |                         |                         | 1,00 | 0,98      |
| BCA-ISA(sph)            |      |      |      |                      |                      |                         |                         |                      |                      |                         |                         |      | 1,00      |

CA: diseño completamente aleatorizado

BCA: bloques completos al azar

NN: ajuste por el vecino más próximo

CE: modelos de errores correlacionados asumiendo estructuras de tipo esférico (sph) o exponencial (exp) sin considerar la estructura de bloques.

BCACE: modelos de errores correlacionados asumiendo estructuras de tipo esférico (sph) o exponencial (exp) considerando la estructura de bloques.

ISA(exp) y BCA-ISA(exp): *Iterative spatial analysis* considerando una estructura espacial exponencial sin considerar la estructura de bloques y considerando ésta, respectivamente.<sup>1</sup> Estructura espacial estimada por el procedimiento REML.<sup>2</sup> Estructura espacial prefijada según el ajuste del modelo al semivariograma residual.

En el ejemplo expuesto, la autocorrelación espacial invalida el análisis convencional de los datos, alterando tanto la estimación de los efectos principales como la precisión de estas estimaciones, y los propios test de inferencia. La necesidad de recurrir a algún método de análisis espacial es evidente, si bien la elección del método más apropiado parece más sutil. En general, las diferencias entre los distintos métodos son mucho menores que en relación a los métodos convencionales, y se limitan a la precisión de las estimaciones y a la potencia del análisis. En este ejemplo se concluye que el método preferible es el método de errores correlacionados CE(exp) o el método ISA(exp). Mientras la aparente superioridad del método ISA no se valide con datos simulados, una elección fundamentada entre estas dos opciones no es posible.

## AGRADECIMIENTOS

Este capítulo se ha escrito al amparo del proyecto INIA RTA5-173. El autor agradece vivamente a Luis Sampedro todo su empeño y empuje para rematar este capítulo, así como sus valiosas sugerencias para mejorar éste. Raul de la Mata también contribuyó a mejorar la calidad final del trabajo.